

BREVET D'INVENTION

CERTIFICAT D'UTILITÉ - CERTIFICAT D'ADDITION

COPIE OFFICIELLE

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle certifie que le document ci-annexé est la copie certifiée conforme d'une demande de titre de propriété industrielle déposée à l'Institut.

Fait à Paris, le 07 DEC. 2004

Pour le Directeur général de l'Institut
national de la propriété industrielle
Le Chef du Département des brevets

Martine PLANCHE

DOCUMENT DE PRIORITÉ

PRÉSENTÉ OU TRANSMIS
CONFORMÉMENT À LA
RÈGLE 17.1.a) OU b)

BEST AVAILABLE COPY

INSTITUT
NATIONAL DE
LA PROPRIÉTÉ
INDUSTRIELLE

SIEGE
26 bis, rue de Saint-Petersbourg
75800 PARIS cedex 08
Téléphone : 33 (0)1 53 04 53 04
Télécopie : 33 (0)1 53 04 45 23
www.inpi.fr

0314152

**BREVET D'INVENTION
CERTIFICAT D'UTILITÉ**

Code de la propriété intellectuelle - Livre VI

cerfa
N° 11354*03

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE
page 1/2

BR1

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

DB 540 01/ 210502

<p>REMISE DES PIÈCES DATE <u>0314152</u> LIEU N° D'ENREGISTREMENT <u>2 Dec 2003</u> NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI DATE DE DÉPÔT ATTRIBUÉE <u>Paris B</u> PAR L'INPI <u>02 DEC. 2003</u></p>		<p>1 NOM ET ADRESSE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE À QUI LA CORRESPONDANCE DOIT ÊTRE ADRESSÉE CABINET ORES 36 rue de St Pétersbourg 75008 PARIS</p>	
<p>Vos références pour ce dossier (facultatif) BLOcp226/108FR</p>			
<p>Confirmation d'un dépôt par télécopie</p>		<p><input type="checkbox"/> N° attribué par l'INPI à la télécopie</p>	
<p>2 NATURE DE LA DEMANDE</p>		<p>Cochez l'une des 4 cases suivantes</p>	
<p>Demande de brevet <input checked="" type="checkbox"/></p>		<p><input checked="" type="checkbox"/></p>	
<p>Demande de certificat d'utilité <input type="checkbox"/></p>		<p><input type="checkbox"/></p>	
<p>Demande divisionnaire <input type="checkbox"/></p>		<p><input type="checkbox"/></p>	
<p>Demande de brevet initiale N° _____ Date _____</p>		<p>N° _____ Date _____</p>	
<p>ou demande de certificat d'utilité initiale N° _____ Date _____</p>		<p>N° _____ Date _____</p>	
<p>Transformation d'une demande de brevet européen <i>Demande de brevet initiale</i> <input type="checkbox"/></p>		<p>N° _____ Date _____</p>	
<p>3 TITRE DE L'INVENTION (200 caractères ou espaces maximum) NOUVELLE SOUCHE DE CORONAVIRUS ASSOCIE AU SRAS ET SES APPLICATIONS.</p>			
<p>4 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE FRANÇAISE</p>		<p>Pays ou organisation _____ N° _____ Date _____ Pays ou organisation _____ N° _____ Date _____ Pays ou organisation _____ N° _____ <input type="checkbox"/> S'il y a d'autres priorités, cochez la case et utilisez l'imprimé «Suite»</p>	
<p>5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)</p>		<p><input checked="" type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique</p>	
<p>Nom ou dénomination sociale</p>		<p>INSTITUT PASTEUR</p>	
<p>Prénoms</p>			
<p>Forme juridique</p>		<p>Etablissement public</p>	
<p>N° SIREN</p>		<p>_____</p>	
<p>Code APE-NAF</p>		<p>_____</p>	
<p>Domicile ou siège</p>	<p>Rue</p>	<p>25-28 rue du Docteur Roux</p>	
	<p>Code postal et ville</p>	<p>75 172 4 PARIS Cedex 15</p>	
	<p>Pays</p>	<p>FRANCE</p>	
<p>Nationalité</p>		<p>Française</p>	
<p>N° de téléphone (facultatif)</p>		<p>N° de télécopie (facultatif)</p>	
<p>Adresse électronique (facultatif)</p>			
<p><input checked="" type="checkbox"/> S'il y a plus d'un demandeur, cochez la case et utilisez l'imprimé «Suite»</p>			



BREVET D'INVENTION CERTIFICAT D'UTILITÉ

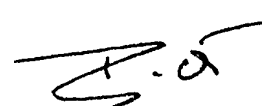

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE
page 2/2

BR2

RESERVÉ À L'INPI

REMISE DES PILES
DATE **2 DEC 2003**
LIEU **75 INPI PARIS B**
N° D'ENREGISTREMENT
NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI **0314152**

DB 540 W / 210502

6 MANDATAIRE (s'il y a lieu)		
Nom	ORES	
Prénom	Béatrice	
Cabinet ou Société	CABINET ORES	
N° de pouvoir permanent et/ou de lien contractuel		
Adresse	Rue	36 rue de St Pétersbourg
	Code postal et ville	75 008 PARIS
	Pays	FRANCE
N° de téléphone (facultatif)	01.53.21.11.00.	
N° de télécopie (facultatif)	01.53.21.08.88.	
Adresse électronique (facultatif)	ores@cabinet-ores.com	
7 INVENTEUR (S)		Les inventeurs sont nécessairement des personnes physiques
Les demandeurs et les inventeurs sont les mêmes personnes	<input type="checkbox"/> Oui <input checked="" type="checkbox"/> Non : Dans ce cas remplir le formulaire de Désignation d'inventeur(s)	
8 RAPPORT DE RECHERCHE		Uniquement pour une demande de brevet (y compris division et transformation)
Établissement immédiat ou établissement différé	<input checked="" type="checkbox"/> Établissement immédiat <input type="checkbox"/> Établissement différé	
Paiement échelonné de la redevance (en deux versements)	Uniquement pour les personnes physiques effectuant elles-mêmes leur propre dépôt <input type="checkbox"/> Oui <input type="checkbox"/> Non	
9 RÉDUCTION DU TAUX DES REDEVANCES		Uniquement pour les personnes physiques <input type="checkbox"/> Requête pour la première fois pour cette invention (joindre un avis de non-imposition) <input type="checkbox"/> Obtenue antérieurement à ce dépôt pour cette invention (joindre une copie de la décision d'admission à l'assistance gratuite ou indiquer sa référence): AG
10 SÉQUENCES DE NUCLEOTIDES ET/OU D'ACIDES AMINÉS		<input checked="" type="checkbox"/> Cochez la case si la description contient une liste de séquences
Le support électronique de données est joint	<input checked="" type="checkbox"/>	
La déclaration de conformité de la liste de séquences sur support papier avec le support électronique de données est jointe	<input checked="" type="checkbox"/>	
Si vous avez utilisé l'imprimé «Suite», indiquez le nombre de pages jointes	1	
11 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire) Le Mandataire, <div style="text-align: center;">  Béatrice ORES (n° 92-4046) </div>		VISA DE LA PRÉFECTURE OU DE L'INPI <div style="text-align: center;">  </div>



26 bis, rue de Saint Pétersbourg
75800 Paris Cedex 08
Téléphone : 33 (1) 53 04 53 04 Télécopie : 33 (1) 42 94 86 54

BREVET D'INVENTION
CERTIFICAT D'UTILITÉ
Code de la propriété intellectuelle - Livre VI



REQUÊTE EN DÉLIVRANCE

Page suite N° 1.../1...

BR/SUITE

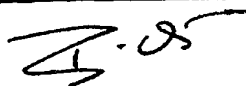
RESERVÉ À L'INPI

REMISE DES PIÈCES
DATE **2 DEC 2003**
LIEU **75 INPI PARIS B**
0314152

N° D'ENREGISTREMENT
NATIONAL ATTRIBUÉ PAR L'INPI

Cet imprimé est à remplir lisiblement à l'encre noire

08 829 @ W / 010702

Vos références pour ce dossier (facultatif)		BLOcp226/108FR	
4 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE FRANÇAISE		Pays ou organisation	
		Date	
		N°	
		Pays ou organisation	
		Date	
		N°	
		Pays ou organisation	
		Date	
		N°	
5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)		<input checked="" type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique	
Nom ou dénomination sociale		CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE	
Prénoms			
Forme juridique		Etablissement public	
N° SIREN			
Code APE-NAF			
Domicile ou siège	Rue	3 rue Michel-Ange	
	Code postal et ville	75179 PARIS Cedex 16	
	Pays	FRANCE	
Nationalité		Française	
N° de téléphone (facultatif)			
N° de télécopie (facultatif)			
Adresse électronique (facultatif)			
5 DEMANDEUR (Cochez l'une des 2 cases)		<input type="checkbox"/> Personne morale <input type="checkbox"/> Personne physique	
Nom ou dénomination sociale			
Prénoms			
Forme juridique			
N° SIREN			
Code APE-NAF			
Domicile ou siège	Rue		
	Code postal et ville		
	Pays		
Nationalité			
N° de téléphone (facultatif)			
N° de télécopie (facultatif)			
Adresse électronique (facultatif)			
10 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE (Nom et qualité du signataire)		VISA DE LA PRÉFECTURE OU DE L'INPI	
Le Mandataire,  Béatrice ORES (n° 92-4046)			

La loi n°78-17 du 6 janvier 1978 relative à l'informatique, aux fichiers et aux libertés s'applique aux réponses faites à ce formulaire.
Elle garantit un droit d'accès et de rectification pour les données vous concernant auprès de l'INPI

La présente invention est relative à une nouvelle souche de coronavirus associé au syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS), issue d'un prélèvement répertorié sous le n° 031589 et prélevé à Hanoi (Vietnam), à des molécules d'acide nucléique issues de son génome, aux protéines et peptides codés par lesdites
5 molécules d'acide nucléique ainsi qu'à leurs applications, notamment en tant que réactifs de diagnostic et/ou comme vaccin.

Le coronavirus est un virus à ARN monocaténaire, de polarité positive, d'approximativement 30 kilobases qui se réplique dans le cytoplasme des cellules hôtes ; l'extrémité 5' du génome a une structure en coiffe et l'extrémité 3' comporte
10 une queue polyA. Ce virus est enveloppé et comprend, à sa surface, -des structures péplomériques- dénommées spicules.

Le génome comprend les cadres ouverts de lecture ou ORF suivants, de son extrémité 5' vers son extrémité 3' : ORF1a et ORF1b correspondant aux protéines du complexe de transcription-réplication, et ORF-S, ORF-E, ORF-M et
15 ORF-N correspondant aux protéines structurales S, E, M et N. Il comprend également des ORFs correspondant à des protéines de fonction inconnue codées par : la région située entre l'ORF-S et l'ORF-E et chevauchant cette dernière, la région située entre l'ORF-M et l'ORF-N, et la région incluse dans l'ORF-N.

La protéine S est une glycoprotéine membranaire (200-220 kDa) qui
20 se présente sous la forme de spicules ou "Spike" émergeant de la surface de l'enveloppe virale. Elle est responsable de l'attachement du virus aux récepteurs de la cellule hôte et de l'induction de la fusion de l'enveloppe virale avec la membrane cellulaire.

La petite protéine d'enveloppe (E) également dénommée sM (*small membrane*) qui est une protéine trans-membranaire non glycosylée d'environ 10 kDa,
25 est la protéine présente en plus faible quantité dans le virion. Elle joue un rôle moteur dans le processus de bourgeonnement des coronavirus qui se produit au niveau du compartiment intermédiaire dans le réticulum endoplasmique et l'appareil de Golgi

La protéine M ou protéine de matrice (25-30 kDa) est une glyco-
30 protéine membranaire plus abondante qui est intégrée dans la particule virale par une interaction M/E, tandis que l'incorporation de S dans les particules est dirigée par une interaction S/M. Elle semble être importante pour la maturation virale des coronavirus

et pour la détermination du site au niveau duquel les particules virales sont assemblées.

La protéine N ou protéine de nucléocapside (45-50 kDa) qui est la plus conservée parmi les protéines structurales des coronavirus, est nécessaire pour encapsider l'ARN génomique puis pour diriger son incorporation dans le virion. Cette protéine est vraisemblablement également impliquée dans la réplication de l'ARN.

Lorsqu'une cellule hôte est infectée, le cadre de lecture (ORF) situé en 5' du génome viral est traduit en une polyprotéine qui est clivée par les protéases virales et libère alors plusieurs protéines non-structurales telles que l'ARN-polymérase ARN dépendante (Rep) et l'ATPase hélicase (Hel). Ces deux protéines sont impliquées dans la réplication du génome viral ainsi que dans la génération de transcrits qui sont utilisés dans la synthèse des protéines virales. Les mécanismes par lesquels ces ARNms sub-génomiques sont produits, ne sont pas complètement compris ; cependant des faits récents indiquent que les séquences de régulation de la transcription à l'extrémité 5' de chaque gène représentent des signaux qui régulent la transcription discontinue des ARNms sub-génomiques.

Les protéines de la membrane virale (protéines S, E et M) sont insérées dans le compartiment intermédiaire, alors que l'ARN répliqué (brin +) s'assemble avec la protéine N (nucléocapside). Ce complexe protéine-ARN s'associe ensuite avec la protéine M incluse dans les membranes du réticulum endoplasmique et les particules virales se forment lorsque le complexe de la nucléocapside bourgeonne dans le réticulum endoplasmique. Le virus migre ensuite à travers le complexe du Golgi et éventuellement sort de la cellule, par exemple par exocytose. Le site de l'attachement du virus à la cellule hôte se trouve au niveau de la protéine S.

Les coronavirus sont responsables de 15 à 30 % des rhumes chez l'Homme et d'infections respiratoires ou digestives chez les animaux, notamment le chat (FIPV : *Feline infectious peritonitis virus*), la volaille (IBV : *Avian Infectious bronchitis virus*), la souris (MHV : *Mouse Hepatitis virus*), le porc (TGEV : *Transmissible gastroenteritis virus*, PEDV : *Porcine Epidemic Diarrhea virus*, PRCoV : *Porcine Respiratory Coronavirus*, HEV : *Hemagglutinating encephalomyelitis Virus*) et les bovins (BcoV : *Bovine coronavirus*).

En général, chaque coronavirus n'affecte qu'une seule espèce ; chez les individus immunocompétents, l'infection induit des anticorps éventuellement neutralisants et une immunité cellulaire, capables de détruire les cellules infectées.

Une épidémie de pneumonie atypique, dénommée syndrome respiratoire aigu sévère (SARS ou *Severe acute respiratory syndrome*, SRAS en français) s'est propagée dans différents pays (Vietnam, Hong-Kong, Singapour, Thaïlande et Canada) au cours du premier trimestre 2003, à partir d'un foyer initial apparu en Chine dans le dernier trimestre de 2002. La sévérité de cette maladie est telle que son taux de mortalité est d'environ 3 à 6 %. La détermination de l'agent causatif de cette maladie a été entreprise par de nombreux laboratoires, à travers le monde.

En mars 2003, un nouveau coronavirus (SARS-CoV, SARS virus ou virus SRAS, en français) a été isolé, en association avec des cas de syndrome respiratoire aigu sévère (T.G.KSIAZEK et al., *The New England Journal of Medicine*, 2003, 348, 1319-1330 ; C. DROSTEN et al., *The New England Journal of Medicine*, 2003, 348, 1967-1976 ; Peiris et al., *Lancet*, 2003, 361, 1319-).

Des séquences génomiques de ce nouveau coronavirus ont ainsi été obtenues, notamment celles de l'isolat Urbani (Genbank n° d'accès AY274119.3 et A. MARRA et al., *Science*, May 1, 2003, 300, 1399-1404) et de l'isolat de Toronto (Tor2, Genbank n° d'accès AY 278741 et A. ROTA et al., *Science*, 2003, 300, 1394-1399).

L'organisation du génome est comparable à celle des autres coronavirus connus permettant ainsi de confirmer l'appartenance du SARS-CoV à la famille des *Coronaviridae* ; les cadres ouverts de lecture ORF1a et 1b et les cadres ouverts de lecture correspondant aux protéines S, E, M, et N, ainsi qu'à des protéines codées par : la région située entre l'ORF-S et l'ORF-E (ORF3), la région située entre l'ORF-S et l'ORF-E et chevauchant l'ORF-E (ORF4), la région située entre l'ORF-M et l'ORF-N (ORF7 à ORF11) et la région correspondant à l'ORF-N (ORF13 et ORF14), ont notamment été identifiées.

Sept différences ont été mises en évidence entre les séquences des isolats Tor2 et Urbani ; 3 correspondent à des mutations silencieuses (c/t en position 16622 et a/g en position 19064 de l'ORF1b, t/c en position 24872 de l'ORF-S) et 4 modifient la séquence en acides aminés de respectivement : les protéines codées par

l'ORF1a (c/t en position 7919 correspondant à la mutation A/V), la protéine S (g/t en position 23220 correspondant à la mutation A/S), la protéine codée par l'ORF3 (a/g en position 25298 correspondant à la mutation R/G) et de la protéine M (t/c en position 26857 correspondant à la mutation S/P).

5 En outre, l'analyse phylogénétique montre que le SARS-CoV est éloigné des autres coronavirus et qu'il est apparu, ni par mutation de coronavirus respiratoires humains, ni par recombinaison entre des coronavirus connus (pour une revue, voir Holmes, J.C.I., 2003, 111, 1605-1609).

La mise en évidence et la prise en compte de nouveaux variants sont
10 importantes pour la mise au point de réactifs de détection et de diagnostic du SRAS suffisamment sensibles et spécifiques ainsi qu'à des compositions immunogènes aptes à protéger des populations contre des épidémies de SRAS.

Les Inventeurs ont maintenant mis en évidence une autre souche de coronavirus associé au SRAS, qui se distingue des isolats Tor2 et Urbani.

15 La présente invention a donc pour objet, une souche isolée ou purifiée de coronavirus humain associé au syndrome respiratoire aigu sévère, caractérisée en ce que son génome présente sous la forme d'ADN complémentaire un codon sérine en position 23220-23222 du gène de la protéine S ou un codon glycine en position 25298-25300 du gène de l'ORF3, et un codon alanine en position 7918-7920 de
20 l'ORF1a ou un codon sérine en position 26857-26859 du gène de la protéine M, lesdites positions étant indiquées en référence à la séquence Genbank AY274119.3.

Selon un mode de réalisation avantageux de ladite souche, l'équivalent ADN de son génome présente une séquence correspondant à la séquence SEQ ID NO : 1 ; cette souche de coronavirus est issue du prélèvement de lavage
25 bronchoalvéolaire d'un patient atteint de SRAS, répertorié sous le n° 031589 et effectué à l'hôpital français de Hanoi (Vietnam).

Conformément à l'invention, ladite séquence SEQ ID NO :1 est celle de l'acide désoxyribonucléique correspondant à la molécule d'acide ribonucléique du génome de la souche isolée de coronavirus telle que définie ci-
30 dessus.

La séquence SEQ ID NO : 1 se distingue de la séquence Genbank AY274119.3 (isolat Tor2) en ce qu'elle possède les mutations suivantes :

- g/t en position 23220 ; le codon alanine (gct) en position 577 de la séquence en acides aminés de la protéine S de Tor2 est remplacé par un codon sérine (tct),

5 - a/g en position 25298 ; le codon arginine (aga) en position 11 de la séquence en acide aminés de la protéine codée par l'ORF3 de Tor 2 est remplacé par un codon glycine (gga).

En outre, la séquence SEQ ID NO : 1 se distingue de la séquence Genbank AY278741 (isolat Urbani) en ce qu'elle possède les mutations suivantes :

10 - t/c en position 7919 ; le codon valine (ggt) en position 2552 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF1a est remplacé par un codon alanine (gct),

- t/c en position 16622 : cette mutation ne modifie pas la séquence en acides aminés des protéines codées par l'ORF1b (mutation silencieuse),

15 - g/a en position 19064 : cette mutation ne modifie pas la séquence en acides aminés des protéines codées par l'ORF1b (mutation silencieuse),

- c/t en position 24872 : cette mutation ne modifie pas la séquence en acides aminés de la protéine S, et

- c/t en position 26857 : le codon proline (ccc) en position 154 de la séquence en acides aminés de la protéine M est remplacé par un codon sérine (tcc).

20 En l'absence de mention particulière, les positions des séquences nucléotidiques et peptidiques sont indiquées en référence à la séquence Genbank AY274119.3.

La présente invention a également pour objet un polynucléotide isolé ou purifié, caractérisé en ce que sa séquence est celle du génome de la souche isolée
25 de coronavirus telle que définie ci-dessus.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit polynucléotide il présente la séquence SEQ ID NO : 1.

La présente invention a également pour objet un polynucléotide isolé ou purifié, caractérisé en ce que sa séquence hybride dans des conditions de forte
30 stringence avec la séquence du polynucléotide tel que défini ci-dessus.

Les termes « isolé ou purifié » signifient modifié « par la main de l'homme » à partir de l'état naturel ; autrement dit si un objet existe dans la nature, il

est dit isolé ou purifié s'il a été modifié ou extrait de son environnement naturel ou les deux. Par exemple, un polynucléotide ou une protéine/un peptide naturellement présent dans un organisme vivant n'est ni isolé, ni purifié ; en revanche le même polynucléotide ou protéine /peptide séparé des molécules coexistantes dans son environnement naturel, obtenu par clonage, amplification et/ou synthèse chimique est isolé au sens de la présente invention. De plus, un polynucléotide ou une protéine/peptide qui est introduit dans un organisme par transformation, manipulation génétique ou par toute autre méthode, est « isolé » même s'il est présent dans ledit organisme. Le terme purifié tel qu'utilisé dans la présente invention, signifie que les protéines /peptides selon l'invention sont essentiellement libres d'association avec les autres protéines ou polypeptides, comme l'est par exemple le produit purifié de la culture de cellules hôtes recombinantes ou le produit purifié à partir d'une source non-recombinante.

Au sens de la présente invention, on entend par conditions d'hybridation de forte stringence, des conditions de température et de force ionique choisies de telle manière qu'elles permettent le maintien de l'hybridation spécifique et sélective entre polynucléotides complémentaires.

A titre d'illustration, des conditions de forte stringence aux fins de définir les polynucléotides ci-dessus, sont avantageusement les suivantes : l'hybridation ADN-ADN ou ADN-ARN est réalisée en deux étapes : (1) préhybridation à 42°C pendant 3 heures en tampon phosphate (20 mM pH 7,5) contenant 5 x SSC (1 x SSC correspond à une solution 0,15 M NaCl + 0,015 M citrate de sodium), 50 % de formamide, 7 % de sodium dodécyl sulfate (SDS), 10 x Denhardt's, 5 % de dextran sulfate et 1 % d'ADN de sperme de saumon ; (2) hybridation pendant 20 heures à 42°C suivie de 2 lavages de 20 minutes à 20°C en 2 x SSC + 2 % SDS, 1 lavage de 20 minutes à 20°C en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS. Le dernier lavage est pratiqué en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS pendant 30 minutes à 60°C.

La présente invention a également pour objet un fragment représentatif du polynucléotide tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être obtenu, soit par l'utilisation d'enzymes de restriction dont les sites de reconnaissance et de coupure sont présents dans ledit polynucléotide tel que défini ci-dessus, soit par amplification à l'aide d'amorces oligonucléotidiques spécifiques dudit polynucléotide tel que défini ci-dessus, soit par transcription *in vitro*, soit par synthèse

chimique.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit fragment, il est sélectionné dans le groupe constitué par : l'ADNc correspondant à au moins un cadre ouvert de lecture (ORF) choisi parmi : ORF1a, ORF1b, ORF-S, ORF-E, ORF-M, 5 ORF-N, ORF3, ORF4, ORF7 à ORF11, ORF13 et ORF14, et l'ADNc correspondant aux extrémités 5' ou 3' non-codantes dudit polynucléotide.

Selon une disposition avantageuse de ce mode de réalisation, ledit fragment présente une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par :

- 10 - les séquences SEQ ID NO : 2 et 4 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-S qui code pour la protéine S,
- les séquences SEQ ID NO : 13 et 15 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-E qui code pour la protéine E,
- les séquences séquence SEQ ID NO : 16 et 18 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-M qui code pour la protéine M,
- 15 - les séquences SEQ ID NO : 36 et 38 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-N qui code pour la protéine N,
- les séquences représentant les ADNc correspondant respectivement : aux ORF1a et ORF1b (ORF1ab, SEQ ID NO : 31), aux ORF3 et ORF4 (SEQ ID NO : 7, 8), aux ORF 7 à 11 (SEQ ID NO : 19, 20), à l'ORF13 (SEQ ID NO : 32) et 20 à l'ORF14 (SEQ ID NO : 34), et
- les séquences représentant les ADNc correspondant respectivement aux extrémités 5'(SEQ ID NO : 39 et 72) et 3' non-codantes (SEQ ID NO : 40, 73) dudit polynucléotide.

La présente invention a également pour objet un fragment de 25 l'ADNc codant pour la protéine S, tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce qu'il présente une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 5 et 6 (fragments Sa et Sb).

La présente invention a également pour objet un fragment de l'ADNc correspondant aux ORF1a et ORF1b tel que défini ci-dessus, caractérisé en ce 30 qu'il présente une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 41 à 54 (fragments L0 à L12).

La présente invention a également pour objet un fragment du polynuéotide tel que défini ci dessus, caractérisé en ce qu'il présente au moins 15 bases ou paires de bases consécutives de la séquence du génome de ladite souche incluant au moins une de celles situées en position 7979, 16622, 19064, 23220, 24872, 25298 et
 5 26857. De préférence, il s'agit d'un fragment de 20 à 2500 bases ou paires de bases, de manière préférée de 20 à 400.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit fragment, il inclut au moins un couple de bases ou de paires de bases correspondant aux positions suivantes : 7919 et 23220, 7919 et 25298, 16622 et 23220, 19064 et 23220, 16622 et
 10 25298, 19064 et 25298, 23220 et 24872, 23220 et 26857, 24872 et 25298, 25298 et 26857.

La présente invention a également pour objet des amorces d'au moins 18 bases aptes à amplifier un fragment du génome d'un coronavirus associé au SRAS ou de l'équivalent ADN de celui-ci.

15 Selon un mode de réalisation desdites amorces, elles sont sélectionnées dans le groupe constitué par :

- la paire d'amorces n° 1 correspondant respectivement aux positions 28507 à 28522 (amorce sens, SEQ ID NO : 60) et 28774 à 28759 (amorce anti-sens, SEQ ID NO : 61) de la séquence du polynuéotide tel que défini ci-dessus, et

20 - la paire d'amorces n° 2 correspondant respectivement aux positions 28375 à 28390 (amorce sens, SEQ ID NO : 62) et 28702 à 28687 (amorce anti-sens, SEQ ID NO : 63) de la séquence du polynuéotide tel que défini ci-dessus.

La présente invention a également pour objet une sonde apte à détecter la présence du génome d'un coronavirus associé au SRAS ou d'un fragment
 25 de celui-ci, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par : les fragments tels que définis ci-dessus et les fragments correspondant aux positions suivantes de la séquence du polynuéotide tel que défini ci-dessus : 28561 à 28586, 28588 à 28608, 28541 à 28563 et 28565 à 28589 (SEQ ID NO : 64 à 67).

Les sondes et amorces selon l'invention peuvent être marquées
 30 directement ou indirectement par un composé radioactif ou non radioactif par des méthodes bien connues de l'Homme du Métier, afin d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable. Parmi les isotopes radioactifs utilisés, on peut citer le ^{32}P , le ^{33}P , le

^{35}S , le ^3H ou l' ^{125}I . Les entités non radioactives sont sélectionnées parmi les ligands tels que la biotine, l'avidine, la streptavidine, la digoxygénine, les haptènes, les colorants, les agents luminescents tels que les agents radioluminescents, chémoluminescents, bioluminescents, fluorescents, phosphorescents.

5 L'invention englobe les sondes et les amorces marquées dérivées des séquences précédentes.

De telles sondes et amorces sont utiles pour le diagnostic de l'infection par un coronavirus associé au SRAS.

La présente invention a également pour objet une méthode de détection d'un coronavirus associé au SRAS, à partir d'un échantillon biologique, laquelle

10 méthode est caractérisée en ce qu'elle comprend au moins :

(a) l'extraction d'acides nucléiques présents dans ledit échantillon biologique,

(b) l'amplification d'un fragment de l'ORF-N par RT-PCR à l'aide

15 d'une paire d'amorces telle que définie ci-dessus, et

(c) la détection par tout moyen approprié des produits d'amplifications obtenus en (b).

Les produits d'amplifications (amplicons) en (b) sont de 268 pb pour la paire d'amorces n° 1 et de 328 pb pour la paire d'amorces n°2.

20 Selon un mode de mise en œuvre avantageux dudit procédé, l'étape (b) de détection est réalisée à l'aide d'au moins une sonde correspondant aux positions 28561 à 28586, 28588 à 28608, 28541 à 28563 et 28565 à 28589 de la séquence du polynucléotide tel que défini ci-dessus.

De préférence, le génome du coronavirus associé au SRAS est

25 détecté et éventuellement quantifié par PCR en temps réel, à l'aide de la paire d'amorces n°2 et des sondes correspondant aux positions 28541 à 28563 et 28565 à 28589 marquées avec des composés différents, notamment des agents fluorescents différents.

La RT-PCR en temps réel qui met en œuvre cette paire d'amorces et

30 cette sonde est très sensible puisqu'elle permet de détecter 10^2 copies d'ARN et jusqu'à 10 copies d'ARN, elle est en outre fiable et reproductible.

L'invention englobe les polydésoxyribonucléotides et les polyribonucléotides simple-brin, double-brin et tripe-brin correspondant à la séquence du génome de la souche isolée de coronavirus et de ses fragments tels que définis ci-dessus, ainsi qu'à leurs séquences complémentaires, sens ou anti-sens, notamment les
5 ARN et les ADNc correspondant à la séquence du génome et de ses fragments tels que définis ci-dessus.

La présente invention englobe également les fragments d'amplification obtenus à l'aide d'amorces spécifiques du génome de la souche purifiée ou isolée tel que défini ci-dessus, notamment à l'aide d'amorces et de paires
10 d'amorces telles que définies ci-dessus, les fragments de restriction constitués par ou comprenant la séquence des fragments tels que définis ci-dessus, les fragments obtenus par transcription *in vitro* à partir d'un vecteur contenant la séquence SEQ ID NO : 1 ou un fragment tel que défini ci-dessus, ainsi que des fragments obtenus par synthèse chimique. Des exemples de fragments de restriction sont déduits de la carte
15 de restriction de la séquence SEQ ID NO : 1 illustrée par la figure 13. Conformément à l'invention lesdits fragments sont, soit sous forme de fragments isolés, soit sous forme de mélanges de fragments. L'invention englobe également les fragments modifiés, par rapport aux précédents, par enlèvement, ou addition de nucléotides dans une proportion d'environ 15 %, par rapport à la longueur des fragments ci-dessus et/ou
20 modifiés au niveau de la nature des nucléotides, dès lors que les fragments nucléotidiques modifiés conservent une capacité d'hybridation avec les séquences d'ARN génomiques ou antigénomiques de l'isolat tel que défini ci-dessus.

Les molécules d'acide nucléique selon l'invention sont obtenues par les méthodes classiques, connues en elles-mêmes, en suivant les protocoles standards
25 tels que ceux décrits dans *Current Protocols in Molecular Biology* (Frederick M. AUSUBEL, 2000, Wiley and son Inc, Library of Congress, USA). Par exemple, elles peuvent être obtenues par amplification d'une séquence nucléique par PCR ou RT-PCR ou bien par synthèse chimique totale ou partielle.

La présente invention a également pour objet une puce ou filtre à
30 ADN ou à ARN, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un polynucléotide ou l'un de ses fragments tels que définis ci-dessus.

Les puces ou filtres à ADN ou à ARN selon l'invention sont

préparés par les méthodes classiques, connues en elles-mêmes, comme par exemple greffage chimique ou électrochimique d'oligonucléotides sur support de verre ou de nylon.

La présente invention a également pour objet un vecteur de clonage
5 et/ou d'expression recombinant, notamment un plasmide ou un phage comprenant un fragment d'acide nucléique tel que défini ci-dessus. De préférence, ledit vecteur recombinant est un vecteur d'expression dans lequel ledit fragment d'acide nucléique est placé sous le contrôle d'éléments régulateurs de la transcription et de la traduction appropriés. En outre, ledit vecteur peut comprendre des séquences (étiquettes ou *tag*)
10 fusionnées en phase avec l'extrémité 5' et/ou 3' dudit insert, utiles pour l'immobilisation, et/ou la détection et/ou la purification de la protéine exprimée à partir dudit vecteur.

Ces vecteurs sont construits et introduits dans des cellules hôtes par les méthodes classiques d'ADN recombinant et de génie génétique, qui sont connues
15 en elles-mêmes. De nombreux vecteurs dans lesquels on peut insérer une molécule d'acide nucléique d'intérêt afin de l'introduire et de la maintenir dans une cellule hôte, sont connus en eux-mêmes ; le choix d'un vecteur approprié dépend de l'utilisation envisagée pour ce vecteur (par exemple réplication de la séquence d'intérêt, expression de cette séquence, maintien de la séquence sous forme extrachromosomique ou
20 bien intégration dans le matériel chromosomique de l'hôte), ainsi que de la nature de la cellule hôte.

Conformément à l'invention, ledit plasmide est notamment sélectionné parmi les plasmides suivants :

- le plasmide, dénommé SARS-S, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3059, le 20 juin 2003, auprès de la Collection Nationale de
25 Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant pour la protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 21406 à 25348 (SEQ ID NO : 4), en référence à la
30 séquence Genbank AY274119.3,

- le plasmide, dénommé SARS-S1, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3020, le 12 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de

Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient un fragment 5' de la séquence d'ADNc codant pour la protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, lequel fragment correspondant aux nucléotides des positions 21406 à 23454 (SEQ ID NO :5), en référence à la séquence Genbank AY274119.3 Tor2,

- le plasmide, dénommé SARS-S2, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3019, le 12 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient un fragment 3' de la séquence d'ADNc codant pour la protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, lequel fragment correspondant aux nucléotides des positions 23322 à 25348 (SEQ ID NO :6), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide, dénommé SARS-SE, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3126, le 13 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15; il contient l'ADNc correspondant à la région située entre l'ORF-S et l'ORF-E et chevauchant l'ORF-E de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle région correspondant aux nucléotides des positions 25110 à 26244 (SEQ ID NO :8), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide, dénommé SARS-E, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3046, le 28 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant pour la protéine E de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 26082 à 26413 (SEQ ID NO :15), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide, dénommé SARS-M ; compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3047, le 28 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant pour la protéine M de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus ;

laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 26330 à 27098 (SEQ ID NO :18), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide dénommé SARS-MN, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3125, le 13 novembre 2003, auprès de la Collection
5 Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc correspondant à la région située entre l'ORF-M et l'ORF-N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589 et prélevée à Hanoi, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 26977 à 28218 (SEQ ID NO :20), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide dénommé SARS-N, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3048, le 5 juin 2003, auprès de la Collection Nationale de
Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient l'ADNc codant pour la protéine N de la souche de SARS-CoV issue du
15 prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 28054 à 29430 (SEQ ID NO :38), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

- le plasmide dénommé SARS-5'NC, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3124, le 7 novembre 2003, auprès de la Collection
20 Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient l'ADNc correspondant à l'extrémité 5'non codante du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 1 à 204 (SEQ ID NO :39), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

25 - le plasmide dénommé SARS-3'NC, compris dans la souche bactérienne déposée sous le n° I-3123 le 7 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15. ; il contient la séquence d'ADNc correspondant à l'extrémité 3'non codante du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n°
30 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant à celle située entre le nucléotide en position 28933 à 29727 (SEQ ID NO :40), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3, se termine par une série de nucléotides a.,

- le plasmide d'expression dénommé pIV2.3N, contenant un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale de la protéine N (SEQ ID NO : 37) avec une étiquette polyhistidine,

5 - le plasmide d'expression dénommé pIV2.3Sc, contenant un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale du fragment correspondant aux positions 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,

10 - le plasmide d'expression pIV2.3SL, contenant un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale du fragment correspondant aux positions 14 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,

- le plasmide d'expression dénommé pIV2.4N, contenant un fragment d'ADNc codant pour une fusion N-terminale de la protéine N (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,

15 - le plasmide d'expression dénommé pIV2.4Sc ou pIV2.4S1, contenant un insert codant pour une fusion N-terminale du fragment correspondant aux positions 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine, et

20 - le plasmide d'expression dénommé pIV2.4SL contenant un fragment d'ADNc codant pour une fusion N-terminale du fragment correspondant aux positions 14 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine.

25 Selon une disposition avantageuse du plasmide d'expression tel que défini ci-dessus, il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I- 3117, le 23 octobre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

30 Selon une autre disposition avantageuse du plasmide d'expression tel que défini ci-dessus, il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I- 3118, le 23 octobre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

La présente invention a également pour objet une banque d'ADNc caractérisée en ce qu'elle comprend des fragments tels que définis ci-dessus, en parti-

culier des fragments d'amplification ou des fragments de restriction, clonés dans un vecteur recombinant, notamment un vecteur d'expression (banque d'expression).

La présente invention a également pour objet des cellules, notamment des cellules procaryotes, modifiées par un vecteur recombinant tel que défini ci-dessus.

Les vecteurs recombinants tels que définis ci-dessus et les cellules transformées par lesdits vecteurs d'expression sont avantageusement utilisés pour la production des protéines et des peptides correspondants. Les banques d'expression dérivées desdits vecteurs, ainsi que les cellules transformées par lesdites banques d'expression sont avantageusement utilisées pour identifier les épitopes immunogènes (épitopes B et T) des protéines du coronavirus associé au SRAS.

La présente invention a également pour objet les protéines et les peptides purifiées ou isolées, caractérisés en ce qu'ils sont codés par le polynucléotide ou l'un de ses fragments tels que définis ci-dessus.

Selon un mode de réalisation avantageux de l'invention, ladite protéine est sélectionnée dans le groupe constitué par :

- la protéine S de séquence SEQ ID NO :3
- la protéine E de séquence SEQ ID NO :14
- la protéine M de séquence SEQ ID NO :17
- la protéine N de séquence SEQ ID NO : 37
- les protéines codées par les ORFs : ORF1a, ORF1b, ORF3, ORF4 et ORF7 à ORF11, ORF13 et ORF14 de séquence respectivement, SEQ ID NO :74, 75, 10, 12, 22, 24, 26, 28, 30, 33 et 35.

Selon un mode de réalisation avantageux de l'invention, ledit peptide est sélectionné dans le groupe constitué par :

- a) les peptides correspondant aux positions 14 à 1193 et 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S,
- b) les peptides correspondant aux positions 2 à 14 (SEQ ID NO : 69) et 100 à 221 de la séquence en acides aminés de la protéine M ; ces peptides correspondent respectivement à l'ectodomaine et à l'endodomaine de la protéine M, et
- c) les peptides correspondant aux positions 1 à 12 (SEQ ID NO : 70) et 53 à 76 (SEQ ID NO : 71) de la séquence en acides aminés de la protéine E ; ces

peptides correspondent respectivement à l'ectodomaine et à l'extrémité C-terminale de la protéine E, et

d) les peptides de 5 à 50 acides aminés consécutifs, de préférence de 10 à 30 acides aminés, inclus ou chevauchant partiellement ou totalement la séquence des peptides tels que définis en a), b) ou c).

La présente invention a également pour objet un peptide caractérisé en ce qu'il présente une séquence de 7 à 50 acides aminés incluant un résidu d'acide aminé sélectionné dans le groupe constitué par :

- l'alanine située en position 2552 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF1a.
- la sérine située en position 577 de la séquence en acides aminés de la protéine S de la souche de SARS-CoV telle que définie ci-dessus,
- la glycine en position 11 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF3 de la souche de SARS-CoV telle que définie ci-dessus,
- la sérine en position 154 de la séquence en acides aminés de la protéine M de la souche de SARS-CoV telle que définie ci-dessus.

La présente invention a également pour objet un anticorps ou un fragment d'anticorps polyclonal ou monoclonal, susceptible d'être obtenu par immunisation d'un animal avec un vecteur recombinant tel que défini ci-dessus, une banque d'ADNc telle que définie ci-dessus ou bien une protéine ou un peptide tels que définis ci-dessus, caractérisé en ce qu'il se lie avec l'une au moins des protéines codées par le SARS-CoV telles que définies ci-dessus.

L'invention englobe les anticorps polyclonaux, les anticorps monoclonaux, les anticorps chimériques tels que les anticorps humanisés, ainsi que leurs fragments (Fab, Fv, scFv).

Au sens de la présente invention, on entend par anticorps chimérique, relativement à un anticorps d'une espèce animale particulière ou d'une classe particulière d'anticorps, un anticorps comprenant tout ou partie d'une chaîne lourde et/ou d'une chaîne légère d'un anticorps d'une autre espèce animale ou d'une autre classe d'anticorps.

Au sens de la présente invention, on entend par anticorps humanisé une immunoglobuline humaine dans laquelle les résidus des CDRs

(*Complementary-Determining Regions*) qui forment le site de liaison à l'antigène sont remplacés par ceux d'un anticorps monoclonal non-humain possédant la spécificité, l'affinité ou l'activité recherchées. Par comparaison avec les anticorps non-humains, les anticorps humanisés sont moins immunogènes et possèdent une demi-vie prolongée chez l'Homme car ils ne possèdent qu'une faible proportion de séquences non-humaines étant donné que la quasi-totalité des résidus des régions FR (Framework) et de la région constante (Fc) de ces anticorps sont ceux d'une séquence consensus d'immunoglobulines humaines.

La présente invention a également pour objet une puce à protéine, caractérisée en ce qu'elle comprend une protéine, un peptide ou bien un anticorps tels que définis ci-dessus.

Les puces à protéine selon l'invention sont préparées par les méthodes classiques, connues en elles-mêmes. Parmi les supports appropriés sur lesquels peuvent être immobilisés des protéines, on peut citer ceux en matière plastique ou en verre, notamment sous la forme de microplaques.

La présente invention a également pour objet des réactifs dérivés de la souche isolée de coronavirus associé au SRAS, issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, utiles pour l'étude et le diagnostic de l'infection provoquée par un coronavirus associé au SRAS, lesquels réactifs sont sélectionnés dans le groupe constitué par :

(a) une paire d'amorces, une sonde ou une puce à ADN telles que définies ci-dessus,

(b) un vecteur recombinant ou une cellule modifiée tels que définis ci-dessus,

(c) une souche isolée de coronavirus ou un polynucléotide tels que définis ci-dessus,

(d) une protéine ou un peptide tel que défini ci-dessus,

(e) un anticorps ou fragment d'anticorps tels que définis ci-dessus, et

(f) une puce à protéine telle que définie ci-dessus.

Ces différents réactifs sont préparés et utilisés selon les techniques classiques de biologie moléculaire et d'immunologie, en suivant les protocoles standards tels que ceux décrits dans *Current Protocols in Molecular Biology*

(Frederick M. AUSUBEL, 2000, Wiley and Son Inc., Library of Congress, USA), dans *Current Protocols in Immunology* (John E. Cologan, 2000, Wiley and Son Inc. Library of Congress, USA) et dans *Antibodies : A Laboratory Manual* (E. Howell and D Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988).

5 Les fragments d'acide nucléique selon l'invention sont préparés et utilisés selon les techniques classiques telles que définies ci-dessus. Les peptides et les protéines selon l'invention sont préparés par les techniques d'ADN recombinant, connues de l'Homme du métier, notamment à l'aide des vecteurs recombinants tels que définis ci-dessus. Alternativement, les peptides selon l'invention peuvent être
10 préparés par les techniques classiques de synthèse en phase solide ou liquide, connues de l'Homme du métier.

Les anticorps polyclonaux sont préparés par immunisation d'un animal approprié avec une protéine ou un peptide tels que définis ci-dessus, éventuellement couplé à la KLH ou à l'albumine et/ou associé à un adjuvant approprié tel que
15 l'adjuvant de Freund (complet ou incomplet) ou l'hydroxyde d'alumine ; après obtention d'un titre en anticorps satisfaisant, les anticorps sont récoltés par prélèvement du sérum des animaux immunisés et enrichis en IgG par précipitation, selon les techniques classiques, puis les IgG spécifiques des protéines du SARS-CoV sont éventuellement purifiées par chromatographie d'affinité sur une colonne appropriée
20 sur laquelle sont fixés ledit peptide ou ladite protéine, tels que définis ci-dessus, de façon à obtenir une préparation d'IgG monospécifiques.

Les anticorps monoclonaux sont produits à partir d'hybridomes obtenus par fusion de lymphocytes B d'un animal immunisé par une protéine ou un peptide tels que définis ci-dessus avec des myélomes, selon la technique de Köhler et
25 Milstein (Nature, 1975, 256, 495-497) ; les hybridomes sont cultivés *in vitro*, notamment dans des fermenteurs ou produits *in vivo*, sous forme d'ascite ; alternativement lesdits anticorps monoclonaux sont produits par génie génétique comme décrit dans le brevet américain US 4,816,567.

Les anticorps humanisés sont produits par des méthodes générales
30 comme celles décrites dans la Demande Internationale WO 98/45332.

Les fragments d'anticorps sont produits à partir des régions V_H et V_L clonées, à partir des ARNm d'hybridomes ou de lymphocytes spléniques d'une

souris immunisée ; par exemple, les fragments Fv, scFv ou Fab sont exprimés à la surface de phages filamenteux selon la technique de Winter et Milstein (Nature, 1991, 349, 293-299) ; après plusieurs étapes de sélection, les fragments d'anticorps spécifiques de l'antigène sont isolés et exprimés dans un système d'expression approprié, par les techniques classiques de clonage et d'expression d'ADN recombinant.

Les anticorps ou leur fragments tels que définis ci-dessus, sont purifiés par les techniques classiques connues de l'Homme du métier, telles que la chromatographie d'affinité.

La présente invention a en outre pour objet l'utilisation d'un produit sélectionné dans le groupe constitué par : une paire d'amorces, une sonde, une puce à ADN, un vecteur recombinant, une cellule modifiée, une souche isolée de coronavirus, un polynucléotide, une protéine ou un peptide, un anticorps ou un fragment d'anticorps, et une puce à protéine tels que définis ci-dessus, pour la préparation d'un réactif de détection et éventuellement de génotypage/sérotypage, d'un coronavirus associé au SRAS.

Les protéines et les peptides selon l'invention, qui sont aptes à être reconnus et/ou à induire la production d'anticorps spécifiques du coronavirus associé au SRAS, sont utiles pour le diagnostic de l'infection par un tel coronavirus ; l'infection est détectée, par une technique appropriée- notamment EIA, ELISA, RIA, immunofluorescence-, à partir d'un échantillon biologique prélevé chez un individu susceptible d'être infecté.

Selon une disposition avantageuse de ladite utilisation, lesdites protéines sont sélectionnées dans le groupe constitué par les protéines S, E, M et/ou N et les peptides tels que définis ci-dessus.

Les protéines S, E, M et/ou N et les peptides dérivés de ces protéines tels que définis ci-dessus, par exemple la protéine N, sont utilisées pour le diagnostic indirect d'une infection à coronavirus associé au SRAS (diagnostic sérologique ; détection d'anticorps spécifiques du SARS-CoV), notamment par une méthode immunoenzymatique (ELISA).

Les anticorps et les fragments d'anticorps selon l'invention, notamment ceux dirigés contre les protéines S, E, M et/ou N et les peptides dérivés tels que définis ci-dessus, sont utiles pour le diagnostic direct d'une infection à coro-

navirus associé au SRAS ; la détection de protéine(s) du SARS-CoV est réalisée par une technique appropriée, notamment EIA, ELISA, RIA, immunofluorescence à partir d'un échantillon biologique prélevé chez un individu susceptible d'être infecté.

La présente invention a également pour objet une méthode de détection d'un coronavirus associé au SRAS, à partir d'un échantillon biologique, laquelle méthode est caractérisée en ce qu'elle comprend au moins :

- (a) la mise en contact dudit échantillon biologique avec au moins un anticorps ou un fragment d'anticorps, une protéine, un peptide ou bien une puce ou un filtre à protéine ou à peptide tels que définis ci-dessus, et
- (b) la révélation par tout moyen approprié des complexes antigène-anticorps formés en (a), par exemple par EIA, ELISA, RIA, ou par immunofluorescence.

Selon un mode de mise en œuvre avantageux dudit procédé l'étape

(a) comprend :

- (a₁) la mise en contact dudit échantillon biologique avec au moins un premier anticorps ou un fragment d'anticorps qui est fixé sur un support approprié, notamment une microplaque,
- (a₂) le lavage de la phase solide, et
- (a₃) l'addition d'au moins un second anticorps ou un fragment d'anticorps, différent du premier, ledit anticorps ou fragment d'anticorps étant éventuellement marqué de façon appropriée.

Ce procédé qui permet de capturer les particules virales présentes dans l'échantillon biologique est également dénommé procédé d'immunocapture.

Par exemple :

- l'étape (a₁) est réalisée avec au moins un premier anticorps monoclonal ou polyclonal ou un fragment de ceux-ci, dirigé contre la protéine S, M, et/ou E, et/ou un peptide correspondant à l'ectodomaine de l'une de ces protéines (peptides M2-14 ou E1-12)

- l'étape (a₃) est réalisée avec au moins un anticorps ou un fragment d'anticorps dirigé contre un autre épitope de la même protéine ou de préférence contre une autre protéine, de manière préférée contre une protéine interne telle que la nucléoprotéine N ou l'endodomaine de la protéine E ou M, de manière encore plus préférée

il s'agit d'anticorps ou de fragments d'anticorps dirigés contre la protéine N qui est très abondante dans la particule virale ; lorsqu'un anticorps ou un fragment d'anticorps dirigé contre une protéine interne (N) ou contre l'endodomaine des protéines E ou M est utilisé, le dit anticorps est incubé en présence de détergent, 5 comme le Tween 20 par exemple, à des concentrations de l'ordre de 0,1 %.

- l'étape (b) de révélation des complexes antigène-anticorps formés est réalisée, soit directement à l'aide d'un second anticorps marqué par exemple avec de la biotine ou une enzyme appropriée telle que la peroxydase ou la phosphatase alcaline, soit indirectement à l'aide d'un sérum anti-immunoglobulines marqué 10 comme ci-dessus. Les complexes ainsi formés sont révélés à l'aide d'un substrat approprié.

La présente invention a en outre pour objet un kit de détection d'un coronavirus associé au SRAS, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un réactif sélectionné dans le groupe constitué par : une paire d'amorces, une sonde, une puce à 15 ADN ou à ARN, un vecteur recombinant, une cellule modifiée, une souche isolée de coronavirus, un polynucléotide, une protéine ou un peptide, un anticorps, et une puce à protéine tels que définis ci-dessus.

La présente invention a en outre pour objet, une composition immunogène, caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un produit sélectionné 20 dans le groupe constitué par :

- a) une protéine ou un peptide tels que définis ci-dessus,
- b) un polynucléotide de type ADN ou ARN ou l'un de ses fragments représentatifs tels que définis ci-dessus, de séquence choisie parmi :

- (i) la séquence SEQ ID NO : 1 ou son équivalent ARN
- 25 (ii) la séquence hybridant dans des conditions de forte stringence avec la séquence SEQ ID NO : 1,
- (iii) la séquence complémentaire de la séquence SEQ ID NO : 1 ou de la séquence hybridant dans des conditions de forte stringence avec la séquence SEQ ID NO : 1,
- 30 (iv) la séquence nucléotidique d'un fragment représentatif du polynucléotide tel que défini en (i), (ii) ou (iii),
- (v) la séquence telle que définie en (i), (ii), (iii) ou (iv), modifiée, et

c) un vecteur d'expression recombinant comprenant un polynucléotide tel que défini en b), et

d) une banque d'ADNc telle que définie ci-dessus,

ladite composition immunogène étant capable d'induire une immunité humorale ou cellulaire protectrice spécifique du coronavirus associé au SRAS, notamment la production d'un anticorps dirigé contre un épitope spécifique du coronavirus associé au SRAS.

Les protéines et les peptides tels que définis ci-dessus, notamment les protéines S, M, E et/ou N et les peptides dérivés, ainsi que les molécules d'acide nucléique (ADN ou ARN) codant lesdites protéines ou lesdits peptides, sont de bons candidats vaccin et peuvent être utilisées dans des compositions immunogènes pour la production d'un vaccin contre le coronavirus associé au SRAS.

Selon un mode de réalisation avantageux des compositions selon l'invention, elles contiennent en outre, au moins un véhicule pharmaceutiquement acceptable et éventuellement des substances porteuses et/ou des adjuvants.

Les véhicules pharmaceutiquement acceptables, les substances porteuses et les adjuvants sont ceux classiquement utilisés.

Les adjuvants sont avantageusement choisis dans le groupe constitué par des émulsions huileuses, de la saponine, des substances minérales, des extraits bactériens, de l'hydroxyde d'alumine et le squalène.

Les substances porteuses sont avantageusement sélectionnées dans le groupe constitué par des liposomes unilamellaires, des liposomes multilamellaires, des micelles de saponine ou des microsphères solides de nature saccharidique ou aurifère.

Les compositions selon l'invention, sont administrées par voie générale, notamment intramusculaire ou sous-cutanée ou bien par voie locale notamment nasale (aérosol).

La présente invention a également pour objet l'utilisation d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75 pour former un complexe immun avec un anticorps dirigé spécifiquement contre un épitope du coronavirus associé au SRAS.

La présente invention a également pour objet un complexe immunitaire formé d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75, et d'un anticorps dirigé spécifiquement contre un épitope du coronavirus associé au SRAS.

La présente invention a également pour objet l'utilisation d'une protéine ou d'un peptide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 3, 10, 12, 14, 17, 22, 24, 26, 28, 30, 33, 35, 37, 69, 70, 71, 74 et 75 pour induire la production d'un anticorps capable de reconnaître spécifiquement un épitope du coronavirus associé au SRAS.

La présente invention a également pour objet l'utilisation d'un polynuécléotide isolé ou purifié présentant une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO : 1, 2, 4, 7, 8, 13, 15, 16, 18, 19, 20, 31, 36 et 38 pour induire la production d'un anticorps dirigé contre la protéine codée par ledit polynuécléotide et capable de reconnaître spécifiquement un épitope du coronavirus associé au SRAS.

Outre les dispositions qui précèdent, l'invention comprend encore d'autres dispositions, qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des exemples de mise en œuvre du polynuécléotide représentant le génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589, et des fragments d'ADNc dérivés objets de la présente invention, ainsi qu'au Tableau I présentant la liste des séquences :

Tableau I : Liste des séquences

numéro d'identification	Séquence	Position de l'ADNc en référence à Genbank AY274119.3	Numéro de dépôt à la CNCM du plasmide correspondant
SEQ ID NO : 1	génome de la souche issue du prélèvement 031589	-	-
SEQ ID NO : 2	ORF-S*	21406-25348	-
SEQ ID NO : 3	Protéine S	-	-
SEQ ID NO : 4	ORF-S**	21406-25348	I-3059
SEQ ID NO : 5	fragment Sa	21406-23454	I-3020

SEQ ID NO : 6	fragment Sb	23322-25348	I-3019
SEQ ID NO : 7	ORF-3+ORF-4*	25110-26244	-
SEQ ID NO : 8	ORF-3+ORF-4**	25110-26244	I-3126
SEQ ID NO : 9	ORF3	-	-
SEQ ID NO : 10	Protéine ORF-3	-	-
SEQ ID NO : 11	ORF4	-	-
SEQ ID NO : 12	Protéine ORF-4	-	-
SEQ ID NO : 13	ORF-E*	26082-26413	-
SEQ ID NO : 14	Protéine E	-	-
SEQ ID NO : 15	ORF-E**	26082-26413	I-3046
SEQ ID NO : 16	ORF-M*	26330-27098	-
SEQ ID NO : 17	Protéine M	-	-
SEQ ID NO : 18	ORF-M**	26330-27098	I-3047
SEQ ID NO : 19	ORF7 à 11*	26977-28218	-
SEQ ID NO : 20	ORF7 à 11**	26977-28218	I-3125
SEQ ID NO : 21	ORF7	-	-
SEQ ID NO : 22	Protéine ORF7	-	-
SEQ ID NO : 23	ORF8	-	-
SEQ ID NO : 24	Protéine ORF8	-	-
SEQ ID NO : 25	ORF9	-	-
SEQ ID NO : 26	Protéine ORF9	-	-
SEQ ID NO : 27	ORF10	-	-
SEQ ID NO : 28	Protéine ORF10	-	-
SEQ ID NO : 29	ORF11	-	-
SEQ ID NO : 30	Protéine ORF11	-	-
SEQ ID NO : 31	OrF1ab	265-21485	-
SEQ ID NO : 32	ORF13	28130-28426	-
SEQ ID NO : 33	Protéine ORF13	-	-
SEQ ID NO : 34	ORF14	-	-
SEQ ID NO : 35	Protéine ORF14	28583-28795	-
SEQ ID NO : 36	ORF-N*	28054-29430	-
SEQ ID NO : 37	Protéine N	-	-
SEQ ID NO : 38	ORF-N**	28054-29430	I-3048
SEQ ID NO : 39	5'non-codante**	1-204	I-3124
SEQ ID NO : 40	3'non-codante**	28933-29727	I-3123
	ORF1ab		-
SEQ ID NO : 41	Fragment L0	30-500	-
SEQ ID NO : 42	Fragment L1	211-2260	-
SEQ ID NO : 43	Fragment L2	2136-4187	-
SEQ ID NO : 44	Fragment L3	3892-5344	-
SEQ ID NO : 45	Fragment L4b	4932-6043	-
SEQ ID NO : 46	Fragment L4	5305-7318	-
SEQ ID NO : 47	Fragment L5	7275-9176	-
SEQ ID NO : 48	Fragment L6	9032-11086	-
SEQ ID NO : 49	Fragment L7	10298-12982	-
SEQ ID NO : 50	Fragment L8	12815-14854	-

SEQ ID NO : 51	Fragment L9	14745-16646	-
SEQ ID NO : 52	Fragment L10	16514-18590	-
SEQ ID NO : 53	Fragment L11	18500-20602	-
SEQ ID NO : 54	Fragment L12	20319-22224	-
SEQ ID NO : 55	Amorce N sens	-	-
SEQ ID NO : 56	Amorce N antisens	-	-
SEQ ID NO : 57	Amorce S _C sens	-	-
SEQ ID NO : 58	Amorce S _L sens	-	-
SEQ ID NO : 59	Amorce S _C e t S _L antisens	-	-
SEQ ID NO : 60	Amorce sens série 1	28507-28522	-
SEQ ID NO : 61	Amorce antisens série 1	28774-28759	-
SEQ ID NO : 62	Amorce sens série 2	28375-28390	-
SEQ ID NO : 63	Amorce antisens série 2	28702-28687	-
SEQ ID NO : 64	Sonde 1/série 1	28561-28586	-
SEQ ID NO : 65	Sonde 2/série 1	28588-28608	-
SEQ ID NO : 66	Sonde 1/série 2	28541-28563	-
SEQ ID NO : 67	Sonde 2/série 2	28565-28589	-
SEQ ID NO : 68	Amorce ancre 14T		
SEQ ID NO : 69	Peptide M2-14	-	-
SEQ ID NO : 70	Peptide E1-12	-	-
SEQ ID NO : 71	Peptide E53-76	-	-
SEQ ID NO : 72	5'non-codante*	1-204	-
SEQ ID NO : 73	3'non-codante*	28933-29727	-
SEQ ID NO : 74	Protéine ORF1a	-	-
SEQ ID NO : 75	Protéine ORF1b	-	-
SEQ ID NO:76-139	Amorces		

* produit d'amplification PCR (amplicon)

** insert cloné dans le plasmide déposé à la CNCM
ainsi qu'aux dessins annexés dans lesquels :

- la figure 1 illustre l'analyse par Western-blot de l'expression *in vitro* des protéines recombinantes N, S_C et S_L à partir des vecteurs d'expression pIVEX. Piste 1 : pIV2.3N. Piste 2 : pIV2.3S_C. Piste 3 : pIV2.3S_L. Piste 4 : pIV2.4N. Piste 5 : pIV2.4S₁ ou pIV2.4S_C. Piste 6 : pIV2.4S_L. L'expression de la protéine GFP exprimée à partir du même vecteur est utilisée comme contrôle.
- la figure 2 illustre l'analyse par électrophorèse en gel de polyacrylamide en conditions dénaturantes (SDS-PAGE) et coloration au bleu de

Coomassie, de l'expression *in vivo* de la protéine N à partir des vecteurs d'expression pIVEX. La souche d'*E.coli* BL21(DE3)pDIA17 transformée par les vecteurs pIVEX recombinants est cultivée à 30°C dans du milieu LB, en présence ou en l'absence d'inducteur (IPTG 1mM). Piste 1 : pIV2.3N Piste 2 : pIV2.4N.

5 - la figure 3 illustre l'analyse par électrophorèse en gel de polyacrylamide en conditions dénaturantes (SDS-PAGE) et coloration au bleu de Coomassie, de l'expression *in vivo* des polypeptides S_L et S_C à partir des vecteurs d'expression pIVEX. La souche d'*E.coli* BL21(DE3)pDIA17 transformée par les vecteurs pIVEX recombinants est cultivée à 30°C dans du milieu LB, en présence ou
10 en l'absence d'inducteur (IPTG 1mM). Piste 1 : pIV2.3S_C Piste 2 : pIV2.3S_L. Piste 3 : pIV2.4S_I Piste 4 : pIV2.4S_L.

- la figure 4 illustre l'activité antigénique des protéines N, S_L et S_C recombinantes produites dans la souche *E. coli* BL21(DE3)pDIA17 transformée par les vecteurs pIVEX recombinants. A : électrophorèse (SDS-PAGE) des lysats bacté-
15 riens. B et C : Western-blot avec les sérums, provenant d'un même patient infecté par le SARS-CoV, prélevés respectivement 8 jours (B : sérum M12) et 29 jours (C : sérum M13) après le début des symptômes du SRAS. Piste 1 : pIV2.3N. Piste 2 : pIV2.4N. Piste 3 : pIV2.3S_C. Piste 4 : pIV2.4 S_I. Piste 5 : pIV2.3S_L. Piste 6 : pIV2.4S_L

- la figure 5 illustre la purification sur colonne Ni-NTA agarose de la
20 protéine N recombinante produite dans la souche *E. coli* BL21(DE3)pDIA17 à partir du vecteur pIV2.3N. Piste 1 : Extrait bactérien total. Piste 2 : Extrait soluble. Piste 3 : Extrait insoluble. Piste 4 : Extrait déposé sur la colonne Ni-NTA. Piste 5 : protéines non-retenues. Piste 6 : Fractions du pic 1. Piste 7 : Fractions du pic 2.

- la figure 6 illustre la purification de la protéine S_C recombinante à
25 partir des corps d'inclusions produits dans la souche *E. coli* BL21(DE3)pDIA17 transformée par le pIV2.4S_I. A. Traitement au Triton X-100 (2%) : Piste 1 : Extrait bactérien total. Piste 2 : Extrait soluble. Piste 3 : Extrait insoluble. Piste 4 : Surnageant après traitement au Triton X-100 (2 %). Pistes 5 et 6 : Culot après traitement au Triton X-100 (2 %). B : Traitement à l'urée 4M, 5M, 6M et 7M des extraits solubles et inso-
30 lubles.

- la figure 7 représente l'immunoempreinte réalisée à l'aide d'un lysat de cellules infectées par le SARS-CoV et d'un sérum de patient atteint de pneumopathie atypique.

5 - la figure 8 représente des immunoempreintes réalisées à l'aide d'un lysat de cellules infectées par le SARS-CoV et d'immunsérums de lapins spécifiques de la nucléoprotéine N (A) et de la protéine de spicule S (B). I.S. : sérum immun. p.i. : sérum pré-immun. L'immunsérum anti-N a été utilisé au 1/50000 et l'immunsérum anti-S au 1/10000.

10 - la figure 9 illustre la réactivité en ELISA des sérums polyclonaux monospécifiques de lapin dirigés contre la protéine N ou le fragment court de la protéine S (S_C), vis-à-vis des protéines recombinantes correspondantes utilisées pour l'immunisation. A : lapins P13097, P13081, et P13031 immunisés avec la protéine N recombinante purifiée. B : lapins P11135, P13042, et P14001 immunisés avec une préparation de corps d'inclusions correspondants au fragment court de la protéine S (S_C). I.S. : sérum immun. p.i. : sérum pré-immun.

20 - la figure 10 illustre la réactivité en ELISA de la protéine N recombinante purifiée, vis-à-vis de sérum de patients atteints de pneumonie atypique causée par le SARS-CoV. Figure 10a : plaques ELISA préparés avec la protéine N à la concentration de 4 µg/ml et 2 µg/ml. Figure 10b : plaque ELISA préparée avec la protéine N à la concentration de 1 µg/ml. Les sérums désignés A, B, D, E, F, G, H correspondent à ceux du Tableau IV.

25 - la figure 11 illustre l'amplification par RT-PCR de quantités décroissantes d'ARN synthétique du gène N du SARS-CoV (10^7 à 1 copie), à l'aide des couples d'amorces n° 1 (N/+28507, N/-28774) (A) et n° 2 (N/+28375, N/-28702) (B). T : amplification réalisée en l'absence d'ARN. MW : marqueur d'ADN.

30 - la figure 12 illustre l'amplification par RT-PCR en temps réel d'ARN synthétique du gène N du SARS-CoV : des quantités décroissantes d'ARN synthétique en répliquat (repli. ; pistes 16 à 29) ainsi que de l'ARN viral dilué au $1/20 \times 10^{-4}$ (piste 32) ont été amplifiés par RT-PCR en temps réel à l'aide du kit "Light Cycler RNA Amplification Kit Hybridization Probes" et des couples d'amorces et de sondes de la série n° 2, dans les conditions décrites à l'exemple 7.

- la figure 13 (figure 13.1 à 13.70) représente la carte de restriction de la séquence SEQ ID NO : 1 correspondant à l'équivalent ADN du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589.

Il doit être bien entendu, toutefois, que ces exemples sont donnés
5 uniquement à titre d'illustration de l'objet de l'invention, dont ils ne constituent en aucune manière une limitation.

Exemple 1 : Clonage et séquençage du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589

L'ARN de la souche de SARS-CoV a été extrait à partir du prélè-
10 vement de lavage bronchoalvéolaire répertorié sous le numéro 031589, effectué sur un patient de l'hôpital français de Hanoi (Vietnam) atteint de SRAS.

L'ARN isolé a été utilisé comme matrice pour amplifier les ADNc correspondant aux différents cadres ouverts de lecture du génome (ORF 1a, ORF1b, ORF-S, ORF-E, ORF-M, ORF-N (incluant les ORF-13 et ORF-14), ORF3, ORF4,
15 ORF7 à ORF11), et aux extrémités 5' et 3' non-codantes. Les séquences des amorces et des sondes utilisées pour l'amplification/détection ont été définies d'après la séquence nucléotidique disponible du SARS-CoV.

Dans ce qui suit les amorces et les sondes sont identifiées par : la lettre S, suivie d'une lettre qui indique la région correspondante du génome (L pour
20 l'extrémité 5' incluant ORF1a et ORF1b ; S, M et N pour les ORF-S, ORF-M, ORF-N, SE et MN pour les régions intergéniques correspondantes), puis éventuellement de Fn, Rn, avec n inclus entre 1 et 6 correspondant aux amorces utilisées pour la PCR nichée ou imbriquée (paire F1 + R1 pour la première amplification, paire F2 + R2 pour la deuxième amplification, etc...), puis de +/- ou -/- correspondant à une amorce sens ou
25 antisens et enfin des positions des amorces en référence à la séquence Genbank AY27411.3 ; pour les amorces S et N sens et antisens et les autres amorces sens uniquement, lorsqu'une seule position est indiquée elle correspond à celle de l'extrémité 5' d'une sonde ou d'une amorce d'environ 20 bases ; pour les amorces antisens autres que les amorces S et N, lorsqu'une seule position est indiquée elle
30 correspond à celle de l'extrémité 3' d'une sonde ou d'une amorce d'environ 20 bases.

Les produits d'amplifications ainsi générés ont été séquencés à l'aide d'amorces spécifiques afin de déterminer la séquence complète du génome de la

souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589. Ces produits d'amplification, à l'exception de ceux correspondant aux ORF1a et ORF1b, ont ensuite été clonés dans des vecteurs d'expression afin de produire les protéines virales correspondantes et les anticorps dirigés contre ces protéines, notamment par immunisation à base d'ADN.

1. Extraction des ARN

Les ARN ont été extraits à l'aide du kit *Qlamp viral RNA extraction mini* (QIAGEN) en suivant les recommandations du fabricant. De manière plus précise : 140 µl du prélèvement et 560 µl de tampon AVL ont été mélangés vigoureusement pendant 15 secondes, incubés 10 min à température ambiante puis centrifugés brièvement à vitesse maximale. 560 µl d'éthanol à 100% ont été ajoutés au surnageant et le mélange ainsi obtenu a été agité très vigoureusement pendant 15 sec. 630 µl du mélange ont ensuite été déposés sur la colonne.

La colonne a été placée sur un tube de 2 ml, centrifugée 1 min à 8000 rpm, puis le reste du mélange précédent a été déposé sur la même colonne, centrifugé à nouveau, 1 min à 8000 rpm et la colonne a été transférée sur un tube de 2 ml propre. Ensuite, 500 µl de tampon AW1 ont été ajoutés sur la colonne, puis la colonne a été centrifugée 1 min à 8000 rpm et l'éluat a été éliminé. 500 µl de tampon AW2 ont été ajoutés sur la colonne qui a ensuite été centrifugée 3 min à 14000 rpm et transférée sur un tube de 1,5 ml. Enfin, 60 µl de tampon AVE ont été ajoutés sur la colonne qui a été incubée 1 à 2 min à température ambiante puis centrifugée 1 min à 8000 rpm. L'éluat correspondant à l'ARN purifié a été récupéré et congelé à -20°C.

2. Amplification, séquençage et clonage des ADNc

2.1) ADNc codant pour la protéine S

Les ARN extraits à partir du prélèvement ont été soumis à une transcription inverse à l'aide d'oligonucléotides hexamériques de séquence aléatoire (pdN6), afin de produire des fragments d'ADNc.

La séquence codant pour la glycoprotéine S du SARS-CoV a été amplifiée sous la forme de deux fragments d'ADN chevauchants : fragment 5' (SRAS-Sa, SEQ ID NO:5) et fragment 3' (SRAS-Sb, SEQ ID NO:6), en réalisant deux amplifications successives à l'aide d'amorces imbriquées. Les amplicons ainsi obtenus

ont été séquencés, clonés dans le vecteur plasmidique PCR 2.1-TOPO™ (IN VITROGEN), puis la séquence des ADNc clonés a été déterminée.

a) clonage et séquençage des fragments Sa et Sb

a₁) synthèse de l'ADNc

- 5 Le mélange réactionnel contenant : ARN (5 µl) , H₂O ppi (3,5 µl), tampon de transcriptase inverse5X (4 µl), dNTP 5 mM (2 µl), pdN6 100 ug/ml (4 µl), RNasin 40 UI/ul (0,5 µl) et transcriptase inverse AMV-RT, 10 UI/ul, PROMEGA (1µl) a été incubé dans un thermocycleur dans les conditions suivantes : 45 min à 42°C, 15 min à 55°C, 5 min à 95°C, puis l'ADNc obtenu a été maintenu à +4°C.

10 a₂) première amplification PCR

- Les extrémités 5' et 3' du gène S ont été amplifiées respectivement avec les paires d'amorces S/F1/+ 21350-21372 et S/R1/- 23518-23498, S/F3/+ 23258-23277 et S/R3/- 25382-25363. Le mélange réactionnel de 50 µl contenant : ADNc (2 µl), amorces 50 µM (0,5 µl), tampon 10 X (5 µl), dNTP 5 mM (2 µl), Taq Expand High Fidelity, Roche (0,75 µl) et H₂O (39, 75 µl) a été amplifié dans un thermocycleur, dans les conditions suivantes : une étape initiale de dénaturation à 94°C pendant 2 min a été suivie de 40 cycles comprenant : une étape de dénaturation à 94°C pendant 30 sec, une étape d'hybridation à 55°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 2 min 30 sec, avec 10 sec d'élongation supplémentaire à chaque cycle, puis d'une étape finale d'élongation à 72°C pendant 5 min.

20 a₃) deuxième amplification PCR

- Les produits de la première amplification PCR (amplicons 5' et 3') ont subi une seconde étape d'amplification PCR (PCR nichée) dans des conditions identiques à celles de la première amplification, avec les paires d'amorces
- 25 S/F2/+ 21406-21426 et S/R2/- 23454-23435, et S/F4/+ 23322-23341 et S/R4/- 25348-25329, respectivement pour l'amplicon 5' et l'amplicon 3'.

a₄) clonage et séquençage des fragments Sa et Sb

- Les amplicons Sa (extrémité 5') et Sb (extrémité 3') ainsi obtenus ont été purifiés à l'aide du kit *QIAquick PCR purification* (QIAGEN), en suivant les recommandations du fabricant, puis ils ont été clonés dans le vecteur PCR2.1-TOPO (kit Invitrogen), pour donner les plasmides dénommés SRAS-S1 et SRAS-S2.
- 30

L'ADN des clones Sa et Sb a été isolé puis l'insert correspondant a été séquencé à l'aide du Kit Big Dye, Applied Biosystem® et des amorces universelles M13 forward et M13 reverse, ainsi que des amorces : S/S/+21867, S/S/+22353, S/S/+22811, S/S/+23754, S/S/+24207, S/S/+24699, S/S/+24348, 5 S/S/-24209, S/S/-23630, S/S/-23038, S/S/-22454, S/S/-21815, S/S/-24784, S/S/+21556, S/S/+23130 et S/S/+24465, en suivant les instructions du fabricant ; les séquences des fragments Sa et Sb ainsi obtenues correspondent aux séquences SEQ ID NO :5 et SEQ ID NO :6 dans la liste de séquences jointe en annexe.

Le plasmide, dénommé SARS-S1 a été déposé sous le n° I-3020, le 10 12 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient un fragment 5' de la séquence du gène S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, lequel fragment dénommé Sa correspondant aux nucléotides des positions 21406 à 23454 (SEQ ID NO :5), en référence à la 15 séquence Genbank AY274119.3 Tor2.

Le plasmide, dénommé TOP10F'-SARS-S2 a été déposé sous le n° I-3019, le 12 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient un fragment 3' de la séquence du gène S de la souche de SARS-CoV issue du prélève- 20 ment répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, lequel fragment dénommé Sb correspondant aux nucléotides des positions 23322 à 25348 (SEQ ID NO : 6), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3.

b) clonage et séquençage de l'ADNc complet (clone SRAS-S de 4 kb)

L'ADNc S complet a été obtenu à partir des clones SARS-S1 et 25 SARS-S2 précités, de la façon suivante :

1) une réaction d'amplification PCR a été réalisée sur un clone SARS-S2 en présence de l'amorce S/R4/-/25348-25329 précitée et de l'amorce S/S/+24696-24715: un amplicon de 633 bp a été obtenu,

2) une autre réaction d'amplification PCR a été réalisée sur un autre 30 clone SARS-S2, en présence des amorces S/F4/+23322-23341 précitée et S/S/-/24803-24784: un amplicon de 1481 pb a été obtenu,

La réaction d'amplification a été réalisée dans les conditions telles que définies ci-dessus pour l'amplification des fragments Sa et Sb, à l'exception que 30 cycles d'amplifications comprenant une étape de dénaturation à 94° C pendant 20 sec et une étape d'élongation à 72° C pendant 2 min 30 sec ont été effectués.

5 3) les 2 amplicons (633 pb et 1481 pb) ont été purifiés dans les conditions telles que définies ci-dessus pour les fragments Sa et Sb.

4) une autre réaction d'amplification PCR à l'aide des amorces S/F4/+ /23322-23341 et S/R4/- /25348-25329 précitées, a été réalisée sur les amplicons purifiés obtenus en 3). La réaction d'amplification a été réalisée dans les conditions
10 telles que définies ci-dessus pour l'amplification des fragments Sa et Sb, à l'exception que 30 cycles d'amplifications ont été effectués.

L'amplicon de 2026 pb ainsi obtenu a été purifié, cloné dans le vecteur PCR2.1-TOPO puis séquencé comme ci-dessus, à l'aide des amorces telles que définies ci-dessus pour les fragments Sa et Sb. Le clone ainsi obtenu a été
15 dénommé clone 3'.

5) Le clone SARS-S1 précédemment obtenu et le clone 3' ont été digérés par *EcoR I*, les bandes d'environ 2kb ainsi obtenues ont été purifiées sur gel puis amplifiées par PCR avec les amorces S/F2/+ /21406-21426 et S/R4/- /25348-25329 précitées. La réaction d'amplification a été réalisée dans les conditions telles
20 que définies ci-dessus pour l'amplification des fragments Sa et Sb, à l'exception que 30 cycles d'amplifications ont été effectués. L'amplicon d'environ 4 kb a été purifié et séquencé. Il a ensuite été cloné dans le vecteur PCR2.1-TOPO pour donner le plasmide, dénommé SARS-S, et l'insert contenu dans ce plasmide a été séquencé comme ci-dessus, à l'aide des amorces telles que définies ci-dessus pour les fragments
25 Sa et Sb. Les séquences d'ADNc de l'insert et de l'amplicon codant pour la protéine S, correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO : 4 et SEQ ID NO : 2 dans la liste de séquences jointe en annexe, elles codent pour la protéine S (SEQ ID NO : 3).

La séquence de l'amplicon correspondant à l'ADNc codant pour la
30 protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 présente les deux mutations suivantes par rapport aux séquences correspondantes de respective-

ment les isolats Tor2 et Urbani, les positions des mutations étant indiquées en référence à la séquence complète du génome de l'isolat Tor2 (Genbank AY274119.3) :

- g/t en position 23220 ; le codon alanine (gct) en position 577 de la séquence en acides aminés de la protéine S de Tor2 est remplacé par un codon sérine (tct),

- c/t en position 24872 : cette mutation ne modifie pas la séquence en acides aminés de la protéine S, et

Le plasmide, dénommé SARS-S, a été déposé sous le n° I-3059, le 20 juin 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant pour la protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 21406 à 25348 (SEQ ID NO :4), en référence à la séquence Genbank AY274119.3.

2.2) ADNc codant pour les protéines M et E

Les ARN issus du prélèvement 031589, extraits comme ci-dessus, ont été soumis à une transcription inverse, associée, lors de la même étape (kit *Titan One Step RT-PCR*®, Roche), à une réaction d'amplification par PCR, à l'aide des couples d'amorces :

- S/E/F1+/26051-26070 et S/E/R1-/26455-26436 pour amplifier l'ORF-E, et
- S/M/F1+/26225-26244 et S/M/R1-/27148-27129 pour amplifier l'ORF-M.

Un premier mélange réactionnel contenant : 8,6 µl d'H₂O_{ppi}, 1 µl de dNTP (5mM), 0,2 µl de chacune des amorces (50µM), 1,25 µl de DTT (100mM) et 0,25 µl de RNAsin (40UI/µl) a été combiné avec un deuxième mélange réactionnel contenant : 1 µl d'ARN, 7 µl d'H₂O_{ppi}, 5 µl de tampon de RT-PCR 5X et 0,5 µl de mélange d'enzyme et les mélanges combinés ont été incubés dans un thermocycleur dans les conditions suivantes : 30 min à 42°C, 10 min à 55°C, 2 min à 94°C suivi de 40 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 10 sec, une étape d'hybridation à 55°C pendant 30 sec et une étape d'élongation à 68°C pendant 45 sec, avec 3 sec d'incrément par cycle et enfin une étape d'élongation terminale à 68°C pendant 7 min.

Les produits d'amplification ainsi obtenus (amplicons M et E) ont subi une deuxième amplification PCR (PCR nichée) en utilisant le kit Expand High-Fi®, Roche), à l'aide des couples d'amorces :

- S/E/F2/+ /26082-26101 et S/E/R2/- /26413-26394 pour l'amplicon E, et
- 5 - S/M/F2/+ /26330-26350 et S/M/R2/- /27098-27078 pour l'amplicon M.

Le mélange réactionnel contenant : 2 µl du produit de la première PCR, 39,25 µl d'H₂O_{pp}i, 5 µl de tampon 10X contenant du MgCl₂, 2 µl de dNTP (5mM), 0,5µl de chacune des amorces (50 µM) et 0,75µl de mélange d'enzyme a été incubé dans un thermocycleur dans les conditions suivantes : une étape de dénaturation à 94°C pendant 2 min a été suivie de 30 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 60°C pendant 30 sec et une étape d'élongation à 72°C pendant 45 sec, avec 3 sec d'incrément par cycle, et enfin une étape d'élongation terminale à 72°C pendant 7 min. Les produits d'amplification obtenus correspondant aux ADNc codant pour les protéines E et M ont été séquencés

10 comme ci-dessus, à l'aide des amorces : S/E/F2/+ /26082 et S/E/R2/- /26394, S/M/F2/+ /26330, S/M/R2/- /27078 précitées et des amorces S/M/+ /26636-26655 et S/M/- /26567-26548. Ils ont ensuite été clonés, comme ci-dessus, pour donner les plasmides dénommés SARS-E et SARS-M. L'ADN de ces clones a ensuite été isolé et séquencé à l'aide des amorces universelles M13 forward et M13 reverse ainsi que des

15 amorces S/M/+ /26636 et S/M/- /26548 précitées.

20

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc codant pour la protéine E (SEQ ID NO : 13) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119.3-Tor2 et AY278741-Urbani. La séquence de la protéine E de la souche de SARS-CoV 031589 correspond à la séquence SEQ ID NO : 14 dans la

25 liste de séquences jointe en annexe.

Le plasmide, dénommé SARS-E a été déposé sous le n° I-3046, le 28 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant

30 pour la protéine E de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux

nucléotides des positions 26082 à 26413 (SEQ ID NO :15), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3.

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc codant pour la M (SEQ ID NO :16) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 ne
 5 comporte pas de différences par rapport à la séquence correspondante de l'isolat AY274119.3-Tor2. En revanche, en position 26857, l'isolat AY278741-Urbani comporte un c et la séquence de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n°031589 un t. Cette mutation aboutit à une modification de la séquence en acides aminés de la protéine correspondante: en position 154, une proline
 10 (AY278741-Urbani) est changée en sérine dans la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n°031589. La séquence de la protéine M de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n°031589 correspond à la séquence SEQ ID NO :17 dans la liste de séquences jointe en annexe.

Le plasmide, dénommé SARS-M a été déposé sous le n° I-3047, le
 15 28 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc codant pour la protéine M de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus ; laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 26330 à 27098 (SEQ ID NO :18), en référence à la séquence
 20 Genbank n° d'accès AY274119.3.

2.3) ADNc correspondant aux ORF3, ORF4, ORF7 à ORF11

La même stratégie d'amplification, de clonage et de séquençage a été utilisée pour obtenir les fragments d'ADNc correspondant respectivement aux ORF
 25 suivantes : ORF 3, ORF4, ORF7, ORF8, ORF9, ORF10 et ORF11. Les couples d'amorces utilisées pour la première amplification sont :

- ORF3 et ORF4 : S/SE/F1/+ /25069-25088 et S/SE/R1/- /26300-26281

- ORF7 à ORF11 : S/MN/F1/+ /26898-26917 et S/MN/R1/- /28287-28266

Les couples d'amorces utilisées pour la deuxième amplification sont :

- ORF3 et ORF4 : S/SE/F2/+ /25110-25129 et S/SE/R2/- /26244-26225

30 - ORF7 à ORF11 : S/MN/F2/+ /26977-26996 et S/MN/R2/- /28218-28199

Les conditions de la première amplification (RT-PCR) sont les suivantes : 45 min à 42°C, 10 min à 55°C, 2 min à 94°C suivi de 40 cycles compre-

nant une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 58°C pendant 30 sec et une étape d'élongation à 68°C pendant 1 min, avec 5 sec d'incrément par cycle et enfin une étape d'élongation terminale à 68°C pendant 7 min.

Les conditions de la PCR nichée sont les suivantes : une étape de dénaturation à 94°C pendant 2 min a été suivie de 40 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 20 sec, une étape d'hybridation à 58°C pendant 30 sec et une étape d'élongation à 72°C pendant 50 sec, avec 4 sec d'incrément par cycle et enfin une étape d'élongation terminale à 72°C pendant 7 min.

Les produits d'amplification obtenus correspondant aux ADNc contenant respectivement les ORF3 et 4 et les ORF7 à 11 ont été séquencés à l'aide des amorces : S/SE/+ /25363, S/SE/+ /25835, S/SE/- /25494, S/SE/- /25875, S/MN/+ /27839, S/MN/+ /27409, S/MN/- /27836 S/MN/- /27799 et clonés comme ci-dessus pour les autres ORF, pour donner les plasmides dénommés SARS-SE et SARS-MN. L'ADN de ces clones a été isolé et séquencé à l'aide de ces mêmes amorces et des amorces universelles M13 sens et M13 anti-sens.

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc de la région contenant les ORF 3 et 4 (SEQ ID NO :7) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 comporte une différence nucléotidique par rapport à la séquence correspondante de l'isolat AY274119-Tor2. Cette mutation en position 25298 aboutit à une modification de la séquence en acides aminés de la protéine correspondante (ORF 3): en position 11, une arginine (AY274119-Tor2) est changée en glycine dans la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589. En revanche, aucune mutation n'a été identifiée par rapport à la séquence correspondante de l'isolat AY278741-Urbani. Les séquences des ORF 3 et 4 la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO :10 et 12 dans la liste de séquences jointe en annexe.

Le plasmide, dénommé SARS-SE a été déposé sous le n° I-3126, le 13 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient l'ADNc correspondant à la région située entre l'ORF-S et l'ORF-E et chevauchant l'ORF-E de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle région correspondant aux nucléotides des

positions 25110 à 26244 (SEQ ID NO :8), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3,

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc correspondant à la région contenant les ORF7 à ORF11 (SEQ ID NO :19) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119-Tor2 et AY278741-Urbani. Les séquences des ORF7 à 11 de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO : 22, 24, 26, 28 et 30 dans la liste de séquences jointe en annexe.

Le plasmide dénommé SARS-MN a été déposé sous le n° I-3125, le 13 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient la séquence d'ADNc correspondant à la région située entre l'ORF-M et l'ORF-N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589 et prélevée à Hanoi, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 26977 à 28218 (SEQ ID NO :20), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3.

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc correspondant à la région contenant les ORF7 à ORF11 (SEQ ID NO :19) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119-Tor2 et AY278741-Urbani. Les séquences des ORF7 à 11 de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO : 22, 24, 26, 28 et 30 dans la liste de séquences jointe en annexe.

2.4) ADNc codant pour la protéine N et incluant les ORF13 et ORF14

L'ADNc a été synthétisé et amplifié comme décrit ci-dessus pour les fragments Sa et Sb. De manière plus précise, le mélange réactionnel contenant : 5 µl d'ARN, 5 µl d'H₂O ppi 4 µl de tampon de reverse transcriptase 5X, 2 µl de dNTP (5 mM), 2 µl d'oligo 20T (5 µM), 0,5 µl de RNasin (40 UI/ul) et 1, 5 µl de AMV-RT (10 UI/ul Promega) a été incubé dans un thermocycleur dans les conditions suivantes : 45 min à 42°C, 15 min à 55°C, 5 min à 95°C, puis il a été maintenu à +4°C.

Une première amplification PCR a été réalisée avec la paire d'amorces S/N/F3/+ /28023 et S/N/R3/- /29480.

Le mélange réactionnel comme ci-dessus pour l'amplification des fragments S1 et S2 a été incubé dans un thermocycleur, dans les conditions suivantes :
 5 une étape initiale de dénaturation à 94°C pendant 2 min a été suivie de 40 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 20 sec, une étape d'hybridation à 55°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 1 min 30 sec avec 10 sec d'élongation supplémentaire à chaque cycle, puis d'une étape finale d'élongation à 72°C pendant 5 min.

10 L'amplicon obtenu à la première amplification PCR a subi une seconde étape d'amplification PCR (PCR nichée) avec la paires d'amorce S/N/F4/+ /28054 et S/N/R4/- /29430 dans des conditions identiques à celles de la première amplification.

Le produit d'amplification obtenu correspondant à l'ADNc codant
 15 pour la protéine N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589a été séquencé à l'aide des amorces : S/N/F4/+ /28054, S/N/R4/- /29430, S/N/+ /28468, S/N/+ /28918 et S/N/- /28607 et cloné comme ci-dessus pour les autres ORF, pour donner le plasmide dénommé SARS-N. L'ADN de ces clones a été isolé et séquencé à l'aide des amorces universelles M13 sens et M13 anti-sens, ainsi que des amorces
 20 S/N/+ /28468, S/N/+ /28918 et S/N/- /28607.

La séquence de l'amplicon représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-N et incluant les ORF13 et ORF14 (SEQ ID NO :36) de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119.3-Tor2 et AY278741-Urbani. La
 25 séquence de la protéine N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 correspond à la séquence SEQ ID NO : 37 dans la liste de séquences jointe en annexe.

Les séquences des ORF13 et 14 de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement n°031589 correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO : 32 et 34 dans la liste de séquences jointe en annexe.

30 Le plasmide dénommé SARS-N a été déposé sous le n° I-3048, le 5 juin 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient l'ADNc codant pour la protéine

N de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 28054 à 29430 (SEQ ID NO :38), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3.

5 **2.5) extrémités 5' et 3' non-codantes**

a) extrémité 5' non-codante (5'NC)

a₁) synthèse de l'ADNc

Les ARN issus du prélèvement 031589, extraits comme ci-dessus, ont été soumis à une transcription inverse dans les conditions suivantes :

10 L'ARN (15 µl) et l'amorce S/L/-/443 (3 µl à la concentration de 5µm, ont été incubés 10 min à 75°C.

Ensuite, du Tampon de transcriptase inverse 5X (6 µl, INVITROGEN), des dNTP 10 mM (1 µl), du DTT 0,1M (3 µl) ont été ajoutés et le mélange a été incubé à 50°C pendant 3 min.

15 Enfin la transcriptase inverse (3 µl de Superscript®, INVITROGEN) a été ajoutée au mélange précédent qui a été incubé à 50°C pendant 1h30 puis à 90 °C pendant 2 min.

L'ADNc ainsi obtenu a été purifié à l'aide du kit *QIAquick PCR purification* (QIAGEN), selon les recommandations du fabricant.

20 b₁) Réaction à la Terminal Transferase (TdT)

L'ADNc (10 µl) est incubé 2 min à 100°C, conservé dans la glace, puis sont ajoutés : H₂O (2,5 µl), tampon TdT 5X (4 µl, AMERSHAM), dATP 5mM (2 µl) et TdT (1,5 µl, AMERSHAM). Le mélange ainsi obtenu est incubé 45 min à 37°C puis 2 min à 65°C.

25 Le produit obtenu est amplifié par une première réaction PCR à l'aide des amorces : S/L/-/225-206 et ancre 14T : 5'-AGATGAATTCGGTACCTTTTTTTTTTTTTTTT-3' (SEQ ID NO :68). Les conditions de l'amplification sont les suivantes : une étape initiale de dénaturation à 94°C pendant 2 min est suivie de 10 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 10 sec, une étape d'hybridation à 45°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 30 sec puis de 30 cycles comprenant une étape de déna-
30 turation à 94°C pendant 10 sec, une étape d'hybridation à 50°C pendant 30 sec puis

une étape d'élongation à 72°C pendant 30 sec, puis d'une étape finale d'élongation à 72°C pendant 5 min.

Le produit de la première amplification PCR a subi une seconde étape d'amplification à l'aide des amorces : S/L/-/204-185 et ancre 14T précitée dans des conditions identiques à celles de la première amplification. L'amplicon ainsi obtenu a été purifié, séquencé à l'aide de l'amorce S/L/-/182-163 puis il a été cloné comme ci-dessus pour les différentes ORF, pour donner le plasmide dénommé SARS-5'NC. L'ADN de ce clone a été isolé et séquencé à l'aide des amorces universelles M13 sens et M13 anti-sens et de l'amorce S/L/-/182-163 précitée.

L'amplicon représentant l'ADNc correspondant à l'extrémité 5'NC de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589 correspond à la séquence SEQ ID NO : 72 dans la liste de séquences jointe en annexe ; cette séquence ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119.3-Tor2 et AY278741-Urbani.

Le plasmide dénommé SARS-5'NC a été déposé sous le n° I- 3124, le 7 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15 ; il contient l'ADNc correspondant à l'extrémité 5'non codante du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant aux nucléotides des positions 1 à 204 (SEQ ID NO :39), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3.

b) extrémité 3'non-codante (3'NC)

a₁) synthèse de l'ADNc

Les ARN issus du prélèvement 031589, extraits comme ci-dessus, ont été soumis à une transcription inverse, selon le protocole suivant : le mélange réactionnel contenant : ARN (5 µl), H₂O (5 µl), tampon de transcriptase inverse 5X (4 µl), dNTP 5 mM (2 µl), Oligo 20T 5µM (2 µl), RNasin 40 U/ µl (0,5 µl) et RT-AMV 10 UI/ µl (1,5 µl, PROMEGA) a été incubé dans un thermocycleur, dans les conditions suivantes : 45 min à 42°C, 15 min à 55°C, 5 min à 95°C, puis il a été maintenu à +4°C.

L'ADNc obtenu a été amplifié par une première réaction PCR à l'aide des amorces S/N/+ /28468-28487 et ancre 14T précitée. Les conditions de

l'amplification sont les suivantes : une étape initiale de dénaturation à 94°C pendant 2 min est suivie de 10 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 20 sec, une étape d'hybridation à 45°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 50 sec puis de 30 cycles comprenant une étape de dénaturation à 94°C pendant 20 sec, une étape d'hybridation à 50°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 50 sec, puis d'une étape finale d'élongation à 72°C pendant 5 min.

Le produit de la première amplification PCR a subi une seconde étape d'amplification à l'aide des amorces S/N/+28933-28952 et ancre 14T précitée, dans des conditions identiques à celles de la première amplification. L'amplicon ainsi obtenu a été purifié, séquencé à l'aide de l'amorce S/N/+29257-29278 et cloné comme ci-dessus pour les différentes ORF, pour donner le plasmide dénommé SARS-3'NC. L'ADN de ce clone a été isolé et séquencé à l'aide des amorces universelles M13 sens et M13 anti-sens et de l'amorce S/N/+29257-29278 précitée.

L'amplicon représentant l'ADNc correspondant à l'extrémité 3'NC de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589 correspond à la séquence SEQ ID NO :73 dans la liste de séquences jointe en annexe ; cette séquence ne comporte pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats AY274119.3-Tor2 et AY278741-Urbani.

Le plasmide dénommé SARS-3'NC a été déposé sous le n° I-3123 le 7 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15. ; il contient la séquence d'ADNc correspondant à l'extrémité 3'non codante du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, telle que définie ci-dessus, laquelle séquence correspondant à celle située entre le nucléotide en position 28933 à 29727 (SEQ ID NO :40), en référence à la séquence Genbank n° d'accès AY274119.3, se termine par une série de nucléotides a.

2.6) ORF1a et ORF1b

L'amplification de la région 5' contenant les ORF1a et ORF1b du génome du SARS-CoV issu du prélèvement 031589 a été réalisée en pratiquant des réactions de RT-PCR suivies de PCR nichées selon les mêmes principes que ceux précédemment décrits pour les autres ORF. Les fragments amplifiés sont cheveu-

chants sur plusieurs dizaines de bases, permettant ainsi la reconstruction informatique de la séquence complète de cette partie du génome. En moyenne, les fragments amplifiés sont de deux kilobases.

14 fragments chevauchants dénommés L0 à L12 ont ainsi été

5 amplifiés à l'aide des amorces suivantes :

Tableau II: Amorces utilisées pour l'amplification de la région 5'(ORF1a et ORF1b)

REGION AMPLIFIEE ET SEQUENCEE (ne tient pas compte des amorces)	Amorce sens RT-PCR	Amorce antisens RT-PCR	Amorce sens PCR nichée	Amorce antisens PCR nichée
L0 50-480	S/L0/F1/+30	S/L0/R1/-481		
L1 231-2240	S/L1/F1/+147	S/L1/R1/-2336	S/L1/F2/+211	S/L1/R2/-2241
L2 2156-4167	S/L2/F1/+2033	S/L2/R1/-4192	S/L2/F2/+2136	S/L2/R2/-4168
L3 3913-5324	S/L3bis/F1/+3850	S/L3bis/R1/-5365	S/L3bis/F2/+3892	S/L3bis/R2/-5325
L4b 4952-6023	S/L4b/F1/+4878	S/L4b/R1/-6061	S/L4b/F2/+4932	S/L4b/R2/-6024
L4 5325-7318	S/L4/F1/+5272	S/L4/R1/-7392	S/L4/F2/+5305	S/L4/R2/-7323
L5 7296-9156	S/L5/F1/+7111	S/L5/R1/-9253	S/L5/F2/+7275	S/L5/R2/-9157
L6 9053-11066	S/L6/F1/+8975	S/L6/R1/-11151	S/L6/F2/+9032	S/L6/R2/-11067
L7 10928-12962	S/L7/F1/+10883	S/L7/R1/-13050	S/L7/F2/+10928	S/L7/R2/-12963
L8 12835-14834	S/L8/F1/+12690	S/L8/R1/-14857	S/L8/F2/+12815	S/L8/R2/-14835
L9 14765-16624	S/L9/F1/+14688	S/L9/R1/-16678	S/L9/F2/+14745	S/L9/R2/-16625
L10 16534-18570	S/L10/F1/+16451	S/L10/R1/-18594	S/L10/F2/+16514	S/L10/R2/-18571
L11 18521-20582	S/L11/F1/+18441	S/L11/R1/-20612	S/L11/F2/+18500	S/L11/R2/-20583
L12 20338-22205	S/L12/F1/+20279	S/L12/R1/-22229	S/L12/F2/+20319	S/L12/R2/-22206

Tous les fragments ont été amplifiés dans les conditions suivantes,

excepté le fragment L0 qui a été amplifié comme décrit ci-dessus pour l'ORF-M :

- 10 - RT-PCR: 30 min à 42°C, 15 min à 55°C, 2 min à 94°C, puis l'ADNc obtenu est amplifié dans les conditions suivantes : 40 cycles comprenant : une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 58°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 68°C pendant 1 min 30 sec, avec 5 sec d'élongation supplémentaire à chaque cycle, puis une étape finale d'élongation à 68°C
- 15 pendant 7 min.

- PCR nichée : une étape initiale de dénaturation à 94°C pendant 2 min est suivie de 35 cycles comprenant : une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 60°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 1 min 30 sec, avec 5 sec d'élongation supplémentaire à chaque cycle, puis une étape finale d'élongation à 72°C pendant 7 min.

Les produits d'amplifications ont été séquencés à l'aide des amorces définies dans le Tableau III ci-après :

Tableau III : Amorces utilisées pour le séquençage de la région 5' (ORF1a et ORF1b)

Noms	Séquences (SEQ ID NO : 76 à 139)
S/L3/+4932	5'-CCACACACAGCTTGTGGATA-3'
S/L4/+6401	5'-CCGAAGTTGTAGGCAATGTC-3'
S/L4/+6964	5'-TTTGGTGCTCCTTCTTATTG-3'
S/L4/-6817	5'-CCGGCATCCAAACATAATTT-3'
S/L5/-7633	5'-TGGTCAGTAGGGTTGATTGG-3'
S/L5/-8127	5'-CATCCTTTGTGTCAACATCG-3'
S/L5/-8633	5'-GTCACGAGTGACACCATCCT-3'
S/L5/+7839	5'-ATGCGACGAGTCTGCTTCTA-3'
S/L5/+8785	5'-TTCATAGTGCCTGGCTTACC-3'
S/L5/+8255	5'-ATCTTGGCGCATGTATTGAC-3'
S/L6/-9422	5'-TGCATTAGCAGCAACAACAT-3'
S/L6/-9966	5'-TCTGCAGAACAGCAGAAAGTG-3'
S/L6/-10542	5'-CCTGTGCAGTTTGTCTGTCA-3'
S/L6/+10677	5'-CCTTGTGGCAATGAAGTACA-3'
S/L6/+10106	5'-ATGTCATTTGCACAGCAGAA-3'
S/L6/+9571	5'-CTTCAATGGTTTGCCATGTT-3'
S/L7/-11271	5'-TGCGAGCTGTCATGAGAATA-3'
S/L7/-11801	5'-AACCGAGAGCAGTACCACAG-3'
S/L7/-112383	5'-TTTGGCTGCTGTAGTCAATG-3'
S/L7/+12640	5'-CTACGACAGATGTCCTGTGC-3'
S/L7/+12088	5'-GAGCAGGCTGTAGCTAATGG-3'
S/L7/+11551	5'-TTAGGCTATTGTTGCTGCTG-3'
S/L8/-13160	5'-CAGACAACATGAAGCACCAC-3'
S/L8/-13704	5'-CGCTGACGTGATATATGTGG-3'
S/L8/-14284	5'-TGCACAATGAAGGATACACC-3'
S/L8/+14453	5'-ACATAGCTCGCGTCTCAGTT-3'
S/L8/+13968	5'-GGCATTGTAGGCGTACTGAC-3'
S/L8/+13401	5'-GTTTGCGGTGTAAGTGCAG-3'
S/L9/-15098	5'-TAGTGGCGGCTATTGACTTC-3'
S/L9/-15677	5'-CTAAACCTTGAGCCGCATAG-3'
S/L9/-16247	5'-CATGGTCATAGCAGCACTTG-3'
S/L9/+16323	5'-CCAGGTTGTGATGTCACTGAT-3'
S/L9/+15858	5'-CCTTACCCAGATCCATCAAG-3'
S/L9/+15288	5'-CGCAACATAACACTTGCTG-3'
S/L10/-16914	5'-AGTGTGGGTACAAGCCAGT-3'
S/L10/-17466	5'-GTTCCAAGGAACATGTCTGG-3'
S/L10/-18022	5'-AGGTGCCTGTGTAGGATGAA-3'
S/L10/+18245	5'-GGGCTGTCATGCAACTAGAG-3'
S/L10/+17663	5'-TCTTACACGCAATCCTGCTT-3'

S/L10/+17061	5'-TACCCATCTGCTCGCATAGT-3'
S/L11/-18877	5'-GCAAGCAGAATTAACCCTCA-3'
S/L11/-19396	5'-AGCACCACCTAAATTGCATC-3'
S/L11/-20002	5'-TGGTCCCTTTGAAGGTGTTA-3'
S/L11/+20245	5'-TCGAACACATCGTTTATGGA-3'
S/L11/+19611	5'-GAAGCACCTGTTTCCATCAT-3'
S/L11/+19021	5'-ACGATGCTCAGCCATGTAGT-3'
SARS/L1/F3/+800	5'-GAGGTGCAGTCACTCGCTAT-3'
SARS/L1/F4/+1391	5'-CAGAGATTGGACCTGAGCAT-3'
SARS/L1/F5/+1925	5'-CAGCAAACCACTCAATTCCT-3'
SARS/L1/R3/-1674	5'-AAATGATGGCAACCTCTTCA-3'
SARS/L1/R4/-1107	5'-CACGTGGTTGAATGACTTTG-3'
SARS/L1/R5/-520	5'-ATTTCTGCAACCAGCTCAAC-3'
SARS/L2/F3/+2664	5'-CGCATTGTCTCCTGGTTTAC-3'
SARS/L2/F4/+3232	5'-GAGATTGAGCCAGAACCAGA-3'
SARS/L2/F5/+3746	5'-ATGAGCAGGTTGTCATGGAT-3'
SARS/L2/R3/-3579	5'-CTGCCTTAAGAAGCTGGATG-3'
SARS/L2/R4/-2991	5'-TTTCTTCACCAGCATCATCA-3'
SARS/L2/R5/-2529	5'-CACCGTTCTTGAGAACAACC-3'
SARS/L3/F3/+4708	5'-TCTTTGGCTGGCTCTTACAG-3'
SARS/L3/F4/+5305	5'-GCTGGTGATGCTGCTAACTT-3'
SARS/L3/F5/+5822	5'-CCATCAAGCCTGTGTCGTAT-3'
SARS/L3/R3/-5610	5'-CAGGTGGTGCAGACATCATA-3'
SARS/L3/R4/-4988	5'-AACATCAGCACCATCCAAGT-3'
SARS/L3/R5/-4437	5'-ATCGGACACCATAGTCAACG-3'

Les séquences des fragments L0 à L12 de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le n° 031589, correspondent respectivement aux séquences SEQ ID NO :41 à SEQ ID NO :54 dans la liste de séquences jointe en annexe. Parmi ces séquences, seule celle correspondant aux fragments L5 comporte une différence nucléotidique par rapport à la séquence correspondante de l'isolat AY278741-Urbani. Cette mutation t/c en position 7919 aboutit à une modification de la séquence en acides aminés de la protéine correspondante, codée par l'ORF 1a: en position 2552, une valine (codon gtt ; AY278741) est changée en alanine (codon gct) dans la souche de SARS-CoV 031589. En revanche, aucune mutation n'a été identifiée par rapport à la séquence correspondante de l'isolat AY274119.3-Urbani. Les autres fragments ne présentent pas de différences par rapport aux séquences correspondantes des isolats Tor2 et Urbani.

Exemple 2 : Production et purification de protéines N et S recombinantes de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589

La protéine entière et deux fragments polypeptidiques de la protéine S de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589 ont été produites chez *E. coli*, sous forme de protéines de fusion comprenant une étiquette polyhistidine N-ou C-terminale. Dans les deux polypeptides S, les séquences hydrophobes N et C-terminales de la protéine S (peptide signal : positions 1 à 13 et hélice transmembranaire : positions 1196 à 1218) ont été déléetées alors que l'hélice β (positions 565 à 687) et les deux motifs de type coiled-coils (positions 895 à 980 et 1155 à 1186) de la protéine S ont été préservés. Ces deux polypeptides sont constitués par : un fragment long (S_L) correspondant aux positions 14 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S et un fragment court (S_C) correspondant aux positions 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S.

1) Clonage des ADNc N, S_L et S_C dans les vecteurs d'expression pIVEX2.3 et pIVEX2.4

Les ADNc correspondant à la protéine N et aux fragments S_L et S_C ont été amplifiés par PCR dans des conditions standard, à l'aide de l'ADN polymérase Platinum Pfx® (INVITROGEN). Les plasmides SRAS-N et SRAS-S ont été utilisés comme matrice et les oligonucléotides suivants comme amorces :

5'-CCCCATATGTCTGATAATGGACCCCAATCAAAC-3' (N sens, SEQ ID NO :55)
 5'-CCCCCGGGTGCCTGAGTTGAATCAGCAGAAGC-3' (N antisens, SEQ ID NO :56)
 5'-CCCCATATGAGTGACCTTGACCGGTGCACCAC-3' (S_C sens, SEQ ID NO :57)
 5'-CCCCATATGAAACCTTGACCCCCACCTGCTC-3' (S_L sens, SEQ ID NO :58)
 5'-CCCCCGGGTTTAATATATTGCTCATATTTTCCC-3' (S_C et S_L antisens, SEQ ID NO :59).

Les amorces sens introduisent un site *NdeI* (souligné) alors que les amorces antisens introduisent un site *XmaI* ou *SmaI* (souligné). Les 3 produits d'amplification ont été purifiés sur colonne (kit *QIAquick PCR Purification*, QIAGEN) et clonés dans un vecteur approprié. L'ADN plasmidique purifié des 3 constructions (kit *QIAfilter Midi Plasmid*, QIAGEN) a été vérifié par séquençage et digéré par les enzymes *NdeI* et *XmaI*. Les 3 fragments correspondants aux ADNc N, S_L et S_C ont été purifiés sur gel d'agarose puis insérés dans les plasmides pIVEX2.3MCS (étiquette

polyhistidine C-terminale) et pIVEX2.4d (étiquette polyhistidine N-terminale) préalablement digérés par les mêmes enzymes. Après vérification des constructions, les 6 vecteurs d'expressions ainsi obtenus (pIV2.3N, pIV2.3S_C, pIV2.3S_L, pIV2.4N, pIV2.4S_C également dénommé pIV2.4S₁, pIV2.4S_L) ont été ensuite utilisés, d'une part

5 pour tester l'expression des protéines *in-vitro*, et d'autre part pour transformer la souche bactérienne BL21(DE3)pDIA17 (NOVAGEN). Ces constructions codent pour des protéines dont la masse moléculaire attendue est la suivante : pIV2.3N (47174 Da), pIV2.3S_C (82897 Da), pIV2.3S_L (132056 Da), pIV2.4N (48996 Da), pIV2.4S₁ (81076 Da) et pIV2.4S_L(133877 Da).

10 2) Analyse de l'expression des protéines recombinantes *in-vitro* et *in vivo*

L'expression de protéines recombinantes à partir des 6 vecteurs recombinants a été testée, dans un premier temps, dans un système *in-vitro* (RTS100, Roche). Les protéines produites *in vitro*, après une incubation des vecteurs recombinants pIVEX, 4h à 30°C, dans le système RTS100, ont été analysées par western-blot

15 à l'aide d'un anticorps anti-(his)₆ couplé à la peroxydase. Le résultat d'expression *in-vitro* (Figure 1) montre que seule la protéine N est exprimée en quantités importantes, cela quelle que soit la position, N- ou C-terminale, de l'étiquette polyhistidine. Dans une seconde étape, l'expression des protéines N et S a été testée *in-vivo* à 30°C dans du milieu LB, en présence ou en l'absence d'inducteur (IPTG 1mM). La protéine N

20 est très bien produite dans ce système bactérien (Figure 2) et se retrouve principalement dans une fraction soluble après lyse des bactéries. En revanche, la version longue de S (S_L) est très peu produite et complètement insoluble (Figure 3). La version courte (S_C) présente également une très faible solubilité, mais un taux d'expression beaucoup plus élevé que celui de la version longue. Par ailleurs, la construction S_C fusionnée à

25 une étiquette polyhistidine en position C-terminale présente une taille plus faible que celle attendue. Une expérience d'immunodétection avec un anticorps anti-polyhistidine a montré que cette construction était incomplète. En conclusion, les deux constructions, pIV2.3N et pIV2.4S₁, exprimant respectivement la protéine N entière fusionnée à l'étiquette polyhistidine en C-terminal et la protéine S courte fusionnée à

30 l'étiquette polyhistidine en N-terminal, ont été retenues pour produire les deux protéines en grande quantité afin de les purifier.

3) Analyse de l'activité antigénique des protéines recombinantes

L'activité antigénique des protéines N, S_L et S_C a été testée par western-blot, à l'aide de deux échantillons de sérum, provenant d'un même patient infecté par le SARS-CoV, prélevés 8 jours (M12) et 29 jours-(M13) après le début des
5 symptômes du SRAS. Le protocole expérimental est comme décrit à l'exemple 3. Les résultats illustrés par la figure 4 montrent (i) la séroconversion du patient, et (ii) que la protéine N possède une plus forte réactivité antigénique que la protéine S courte.

4) Purification de la protéine N à partir de pIV2.3N

Plusieurs expériences de purification de la protéine N, produite à
10 partir du vecteur pIV2.3N, ont été réalisées selon le protocole suivant. Les bactéries BL21(DE3)pDIA17, transformées par le vecteur d'expression pIV2.3N, ont été cultivées à 30°C dans 1 litre de milieu de culture contenant 0,1 mg/ml d'ampicilline, et induites par 1 mM IPTG quand la densité cellulaire, équivalente à $A_{600} = 0,8$, est atteinte (environ 3 heures). Après 2 heures de culture en présence d'inducteur, les
15 cellules ont été récupérées par centrifugation (10 min à 5000 rpm), remises en suspension dans le tampon de lyse (50 mM NaH₂PO₄, NaCl 0,3 M, 20 mM imidazole, pH 8 contenant le mélange d'inhibiteurs de protéases *Complete®*, Roche), et lysées par la presse de French (12000 psi). Après centrifugation du lysat bactérien (15 min à 12000 rpm), le surnageant (50 ml) a été déposé à un débit de 1ml/min sur une colonne (15
20 ml) de chélation métallique (Ni-NTA superflow, Qiagen), équilibrée par le tampon de lyse. Après lavage de la colonne par 200 ml de tampon de lyse, la protéine N a été éluée par un gradient d'imidazole (20 → 250 mM) en 10 volumes de colonne. Les fractions contenant la protéine N ont été rassemblées et analysées par électrophorèse en gel de polyacrylamide en conditions dénaturantes puis coloration au bleu de
25 Coomassie. Les résultats illustrés par la figure 5 montrent que le protocole employé permet de purifier la protéine N avec une homogénéité très satisfaisante (95%) et un rendement moyen de 15 mg de protéine par litre de culture.

5) Purification de la protéine S_C à partir de pIV2.4S_C (pIV2.4S_I)

Le protocole suivi pour purifier la protéine S courte est très différent
30 de celui décrit ci-dessus car la protéine est fortement aggrégée dans le système bactérien (corps d'inclusion). Les bactéries BL21(DE3)pDIA17, transformées par le vecteur d'expression pIV2.4S_I ont été cultivées à 30°C dans 1 litre de milieu de

culture contenant 0,1 mg/ml d'ampicilline, et induites par 1 mM IPTG quand la densité cellulaire, équivalente à $A_{600} = 0,8$, est atteinte (environ 3 heures). Après 2 heures de culture en présence d'inducteur, les cellules ont été récupérées par centrifugation (10 min à 5000 rpm), remises en suspension dans le tampon de lyse (0,1 M Tris-HCl, EDTA 1 mM, pH 7,5), et lysées par la presse de French (1200 psi). Après 5 centrifugation du lysat bactérien (15 min à 12000 rpm), le culot a été remis en suspension dans 25 ml de tampon de lyse contenant 2% Triton X100 et 10 mM β -mercaptoéthanol, puis centrifugé pendant 20 min à 12000 rpm. Le culot a été remis en suspension dans un tampon Tris-HCl 10 mM contenant 7 M urée, et mis en agitation 10 douce pendant 30 min à température ambiante. Ce dernier lavage des corps d'inclusion avec 7 M urée est nécessaire pour éliminer la plupart des protéines membranaires d'*E. coli* qui co-sédimentent avec la protéine S_C aggrégée. Après une dernière centrifugation pendant 20 min à 12000 rpm, le culot final est remis en suspension dans le tampon Tris-HCl 10 mM. L'analyse électrophorétique de cette 15 préparation (Figure 6) montre que la protéine S courte peut être purifiée avec une homogénéité satisfaisante (environ 90%) à partir des corps d'inclusion (extrait insoluble).

Exemple 3 : Immunodominance de la protéine N

La réactivité des anticorps présents dans le sérum des patients 20 atteints de pneumopathie atypique causée par le coronavirus associé au SRAS (SARS-CoV), vis-à-vis des différentes protéines de ce virus, a été analysée par western-blot dans les conditions décrites ci-après.

1) Matériel

a) lysat de cellules infectées par le SARS-CoV

25 Des cellules Vero E6 (2×10^6) ont été infectées par le SARS-CoV (isolat répertorié sous le numéro FFM/MA104) à une multiplicité d'infection (M.O.I.) de 10^{-1} ou 10^{-2} puis incubées dans du milieu DMEM contenant 2% de SVF, à 35°C dans une atmosphère contenant 5% de CO_2 . 48 heures plus tard, le tapis cellulaire a été lavé avec du PBS puis lysé avec 500 μ l de tampon de dépôt préparé selon Laemmli 30 et contenant du β -mercaptoéthanol. Les échantillons ont ensuite été bouillis 10 minutes puis soniqués 3 fois 20 secondes.

b) anticorpsb₁) sérum de patient atteint de pneumopathie atypique

Le sérum référencé au Centre National de Référence des virus influenzae (Région-Nord) sous le N° 20033168 est celui d'un patient français atteint
5 d'une pneumopathie atypique causée par le SARS-CoV prélevé au jour 38 après le début des symptômes ; le diagnostic d'infection par le SARS-CoV a été réalisé par RT-PCR nichée et PCR quantitative.

b₂) sérums polyclonaux de lapin monospécifiques dirigés contre la protéine N ou la protéine S

10 Les sérums sont ceux produits à partir des protéines recombinantes N et S_C (exemple 2), selon le protocole d'immunisation décrit à l'exemple 4 ; il s'agit du sérum du lapin P13097 (sérum anti-N) et du sérum du lapin P11135 (sérum anti-S).

2) Méthode

20 µl de lysat de cellules infectées par le SARS-CoV à des M.O.I. de
15 10⁻¹ et 10⁻² et, à titre de contrôle, 20 µl d'un lysat de cellules non infectées (mock) ont été séparés sur un gel SDS à 10% de polyacrylamide puis transférés sur une membrane de nitrocellulose. Après blocage dans une solution de PBS/lait 5%/Tween 0,1% et lavage en PBS/Tween 0,1%, cette membrane a été hybridée pendant une nuit à 4°C avec : (i) l'immun-sérum N° 20033168 dilué au 1/300, 1/1000 et 1/3000 dans le
20 tampon PBS/BSA 1%/Tween 0,1%, (ii) le sérum du lapin P13097 (sérum anti-N) dilué au 1/50000 dans le même tampon et (iii) le sérum du lapin P11135 (sérum anti-S) dilué au 1/10000 dans le même tampon. Après lavage en PBS/Tween, une hybridation secondaire a été réalisée à l'aide, soit d'anticorps polyclonaux de mouton dirigés contre les chaînes lourdes et légères des immunoglobulines G humaines et couplés à la
25 peroxidase (NA933V, Amersham), soit d'anticorps polyclonaux d'âne dirigés contre les chaînes lourdes et légères des immunoglobulines G de lapin et couplés à la peroxidase (NA934V, Amersham). Les anticorps fixés ont été révélés à l'aide du kit ECL+ (Amersham) et de films d'autoradiographie Hyperfilm MP (Amersham). Une échelle de masse moléculaire (kDa) est portée sur la figure.

3) Résultats

La figure 7 montre que trois polypeptides de masse moléculaire apparente 35, 55 et 200 kDa sont détectés spécifiquement dans les extraits de cellules infectées par le SARS-CoV.

5 Afin d'identifier ces polypeptides, deux autres immunoempreintes (figure 8) ont été réalisées sur les mêmes échantillons et dans les mêmes conditions avec des anticorps polyclonaux de lapins spécifique de la nucléoprotéine N (lapin P13097, figure 8A) et de la protéine de spicule S (lapin P11135, figure 8B) Cette expérience montre que le polypeptide de 200 kDa correspond à la glycoprotéine de
10 spicule S du SARS-CoV, que le polypeptide de 55 kDa correspond à la nucléoprotéine N tandis que le polypeptide de 35 kDa représente vraisemblablement une forme tronquée ou dégradée de la N.

Les données présentées dans la figure 7 montrent donc que le sérum 20033168 réagit fortement avec la N et beaucoup plus faiblement avec la S du SARS-
15 CoV, puisque les polypeptides de 35 et 55 kDa sont révélés sous la forme de bandes intenses pour des dilutions de 1/300, 1/1000 et 1/3000 de l'immunsérum alors que le polypeptide de 200 kDa n'est que faiblement révélé pour une dilution de 1/300. On peut noter également qu'aucun autre polypeptide du SARS-CoV n'est détecté pour des dilutions supérieures au 1/300 du sérum 20033168.

20 Cette expérience indique que la réponse en anticorps spécifique de la N du SARS-CoV domine les réponses en anticorps spécifiques des autres polypeptides du SARS-CoV et en particulier la réponse en anticorps dirigée contre la glycoprotéine S. Elle indique une immunodominance de la nucléoprotéine N lors des infections humaines par le SARS-CoV.

25 **Exemple 4 : Préparation d'anticorps polyclonaux monospécifiques dirigés contre les protéines N et S du coronavirus associé au SRAS (SARS-CoV)**

1) Matériel et méthode

Trois lapins (P13097, P13081, P13031) ont été immunisés avec le polypeptide recombinant purifié correspondant à l'intégralité de la nucléoprotéine (N),
30 préparé selon le protocole décrit à l'exemple 2. Après une première injection de 0,35 mg par lapin de protéine émulsionnée en adjuvant complet de Freund (voie intradermique), les animaux ont reçus 3 injections de rappel à 3 puis 4 semaines

d'intervalle, de 0,35 mg de protéine recombinante émulsionnée en adjuvant incomplet de Freund.

Trois lapins (P11135, P13042, P14001) ont été immunisés avec le polypeptide recombinant correspondant au fragment court de la protéine S (S_C), produit comme décrit à l'exemple 2. Comme ce polypeptide est retrouvé principalement sous la forme de corps d'inclusion dans le cytoplasme bactérien, les animaux ont reçus 4 injections intra-dermiques à 3-4 semaines d'intervalle d'une préparation de corps d'inclusion correspondant à 0,5 mg de protéine recombinante émulsionnée en adjuvant incomplet de Freund. Les 3 premières injections ont été réalisées avec une préparation de corps d'inclusion préparés selon le protocole décrit à l'exemple 2, tandis que la quatrième injection a été réalisée avec une préparation de corps d'inclusion qui ont été préparés selon le protocole décrit à l'exemple 2 puis purifiés sur gradient de saccharose et lavés en 2 % Triton X100.

Pour chaque lapin, un sérum pré-immun (p.i.) a été préparé avant la première immunisation et un immun-sérum (I.S.) 5 semaines après la quatrième immunisation.

Dans un premier temps, la réactivité des sérums a été analysée par test ELISA vis à vis de préparations de protéines recombinantes semblables à celles utilisées pour les immunisations ; les tests ELISA ont été réalisés selon le protocole et avec les réactifs tels que décrits à l'exemple 6.

Dans un deuxième temps, la réactivité des sérums a été analysée en réalisant une immunoempreinte (western blot) d'un lysat de cellules infectées par le SARS-CoV, en suivant le protocole tel que décrit à l'exemple 3.

2) Résultats

Les tests ELISA (figure 9) démontrent que les préparations de protéine N recombinante et de corps d'inclusion du fragment court de la protéine S (S_C) sont immunogènes chez l'animal et que le titre des sérums immuns est élevé (plus de 1/25000).

L'immunoempreinte (figure 8) montre que le sérum immun du lapin P13097 reconnaît deux polypeptides présents dans les lysats de cellules infectées par le SARS-CoV : un polypeptide dont la masse moléculaire apparente (50-55 kDa selon les expériences) est compatible avec celle de la nucléoprotéine N (422 résidus, masse

moléculaire prédite de 46 kDa) et un polypeptide de 35 kDa, qui représente vraisemblablement une forme tronquée ou dégradée de la N.

Cette expérience montre également que le sérum du lapin P11135 reconnaît principalement un polypeptide dont la masse moléculaire apparente (180-
5 220 kDa selon les expériences) est compatible avec une forme glycosylée de la S (1255 résidus, chaîne polypeptidique non glycosylée de 139 kDa), ainsi que des polypeptides plus légers, qui représentent vraisemblablement des formes tronquées et/ou non glycosylées de la S.

En conclusion, l'ensemble de ces expériences démontrent que des
10 polypeptides recombinants exprimés chez *E. coli* et correspondant aux protéines N et S du SARS-CoV permettent d'induire chez l'animal des anticorps polyclonaux capables de reconnaître les formes natives de ces protéines.

Exemple 5 : Préparation d'anticorps polyclonaux monospécifiques dirigés contre les protéines M et E du coronavirus associé au SRAS (SARS-CoV)

15 **1) Analyse de la structure des protéines M et E**

a) Protéine E

La structure de la protéine E du SARS-CoV (76 acides aminés) a été analysée *in silico*, à l'aide de différents logiciels comme signalP v1.1, NetNGlyc 1.0, THMM 1.0 et 2.0 (Krogh et al., 2001, J. Mol. Biol., 305(3):567-580) ou encore
20 TOPPRED (von Heijne, 1992, J. Mol. Biol. 225, 487-494). L'analyse montre que ce polypeptide non glycosylé est une protéine membranaire de type 1, contenant une seule hélice transmembranaire (aa 12-34 d'après THMM), et dont la plus grande partie du domaine hydrophile (42 résidus) est localisée à l'extrémité C-terminale et vraisemblablement à l'intérieur de la particule virale (endodomaine). On peut noter une inver-
25 sion dans la topologie prédite par les versions 1.0 (N-ter est externe) et 2.0 (N-ter est interne) du logiciel THMM, mais que d'autres algorithmes, notamment TOPPRED et THUMBUP (Zhou et Zhou, 2003, Protein Science 12 :1547-1555) confirment une localisation externe de l'extrémité N-terminale de E.

b) Protéine M

30 Une analyse similaire réalisée sur la protéine M du SARS-CoV (221 acides aminés) montre que ce polypeptide ne possède pas de peptide signal (d'après le logiciel signalP v1.1) mais trois domaines transmembranaires (résidus 15-37, 50-72,

77-99 d'après THMM2.0) et un grand domaine hydrophile (aa 100-221) localisé à l'intérieur de la particule virale (endodomaine). Elle est vraisemblablement glycosylée sur l'asparagine en position 4 (d'après NetNGlyc 1.0).

Ainsi, en accord avec les données expérimentales connues pour les autres coronavirus, il est remarquable que les deux protéines M et E présentent des endodomains correspondant à la majeure partie des polypeptides et des ectodomains de très petite taille.

- l'ectodomaine de E correspond vraisemblablement aux résidus 1 à 11 ou 1 à 12 de la protéine : MYSFVSEETGT(L), SEQ ID NO : 70. En effet, la probabilité associée à la localisation transmembranaire du résidu 12 est intermédiaire (0,56 d'après THMM 2.0).

- l'ectodomaine de M correspond vraisemblablement aux résidus 2 à 14 de la protéine : ADNGTITVEELKQ, SEQ ID NO : 69. En effet, la méthionine N-terminale de M est très probablement clivée du polypeptide mature car le résidu en position 2 est une Alanine (Varshavsky, 1996, 93:12142-12149).

Par ailleurs, l'analyse de l'hydrophobicité (Kyte & Doolittle, Hopp & Woods) de la protéine E met en évidence que l'extrémité C-terminale de l'endodomaine de E est hydrophile et donc vraisemblablement exposée à la surface de ce domaine. Ainsi, un peptide synthétique correspondant à cette extrémité est un bon candidat immunogène pour induire chez l'animal des anticorps dirigés contre l'endodomaine de E. En conséquence, un peptide correspondant aux 24 résidus C-terminaux de E a été synthétisé.

2) Préparation d'anticorps dirigés contre l'ectodomaine des protéines M et E et l'endodomaine de la protéine E

Les peptides M2-14 (ADNGTITVEELKQ, SEQ ID NO : 69), E1-12 (MYSFVSEETGTL, SEQ ID NO : 70) et E53-76 (KPTVYVYSRVKNLNSSEGVP DLLV, SEQ ID NO : 71) ont été synthétisés par Neosystem. Ils ont été couplés à la KLH (*Keyhole Limpet Hemocyanin*) à l'aide du MBS (m-maleimido-benzoyl-N-hydroxysuccinimide ester) via une cystéine ajoutée au cours de la synthèse soit en N-terminal du peptide (cas de E53-76) soit en C-terminal (cas de M2-14 et E1-12).

Deux lapins ont été immunisés avec chacun des conjugués, en suivant le protocole d'immunisation suivant : après une première injection de 0,5 mg de peptide couplé à la KLH et émulsionné en adjuvant complet de Freund (voie intradermique), les animaux reçoivent 2 à 4 injections de rappel à 3 ou 4 semaines d'intervalle de 0,25 mg de peptide couplé à la KLH et émulsionné en adjuvant incomplet de Freund.

Pour chaque lapin, un sérum pré-immun (p.i.) a été préparé avant la première immunisation et un immun-sérum (I.S.) est préparé 3 à 5 semaines après les injections de rappel.

10 La réactivité des sérums est analysée dans un premier temps par test ELISA vis à vis du peptide utilisé pour l'immunisation, puis par immunoempreinte vis-à-vis de lysats de cellules infectées par le SARS-CoV, comme décrit pour les sérums anti-N et anti-S de l'exemple 4, selon des protocoles similaires à ceux décrits aux exemples 3 et 6, respectivement pour l'immunoempreinte et le test ELISA.

15 Dans un second temps, la réactivité des immunosérums dirigés contre les peptides M2-14 et E1-12 à reconnaître les ectodomaines de M et de E présents à la surface de la particule virale native est analysée par des tests d'immunocapture et/ou d'immunoprécipitation de virions natifs.

Exemple 6 : Analyse de la réactivité en ELISA de la protéine N recombinante, vis-à-vis de sérums de patients atteints de SRAS

1) Matériel

L'antigène utilisé pour préparer les phases solides est la nucléoprotéine N recombinante purifiée préparée selon le protocole décrit à l'exemple 2.

25 Les sérums à tester (Tableau IV) ont été choisis sur la base des résultats d'analyse de leur réactivité par immunofluorescence (titre IF-SRAS), vis-à-vis de lysats de cellules infectées par le SARS-CoV.

Tableau IV: Sérums testés en ELISA

Référence	N° sérum	Type de sérum	Date du Sérum***	Titre IF-SRAS
3050	A	Témoin	na*	nt**
3048	B	Témoin	na	nt
033168	D	Patient 1- SRAS	27/04/03 (J38)	320
033397	E	Patient-1 SRAS	11/05/03 (J52)	320
032632	F	Patient-2 SRAS	21/03/03 (J17)	2500
032791	G	Patient-3 SRAS	04/04/03 (J3)	<40
033258	H	Patient-3 SRAS	28/04/03 (J27)	160

*na : non-applicable. ** nt : non-testé. *** les dates indiquées correspondent au nombre de jours après le début des symptômes de SRAS.

2) Méthode

La protéine N (100 µl) diluée à différentes concentrations dans du tampon carbonate 0,1 M, pH 9,6 (1, 2 ou 4 µg/ml) est distribuée dans les puits de plaques ELISA, puis les plaques sont incubées une nuit à température du laboratoire.

- 10 Les plaques sont lavées avec du tampon PBS-Tween, saturées avec du tampon PBS-lait écrémé-saccharose (5 %). Les sérums à tester (100 µl) préalablement dilués (1/50, 1/100, 1/200, 1/400, 1/800, 1/1600 et 1/3200) sont ajoutés, puis les plaques sont incubées 1 h à 37° C. Après 3 lavages, le conjugué anti-IgG humaines marqué à la peroxydase (référence 209-035-098, JACKSON) dilué au 1/18000 est ajouté puis les plaques
- 15 sont incubées 1h à 37 °C. Après 4 lavages, le chromogène (TMB) et le substrat (H₂O₂) sont ajoutés et les plaques sont incubées 30min à température ambiante, à l'abri de la lumière. La réaction est ensuite arrêtée puis l'absorbance à 450 nm est mesurée à l'aide d'un lecteur automatique.

3) Résultats

- 20 Les tests ELISA (figure 10) démontrent que la préparation de protéine N recombinante est reconnue spécifiquement par les anticorps de sérums de patients atteints de SRAS prélevés en phase tardive de l'infection (≥ 17 jours après le début des symptômes) alors qu'elle n'est pas reconnue de façon significative par les anticorps d'un sérum de patient prélevé en phase précoce de l'infection (3 jours après
- 25 le début des symptômes) ni par des sérums témoins de sujets non atteints de SRAS.

Exemple 7 : Détection du coronavirus associé au SRAS (SARS-CoV) par RT-PCR en temps réel à l'aide d'amorces spécifiques du gène de la nucléoprotéine

1) Mise au point des conditions de la RT-PCR

a) conception des amorces et des sondes

5 La conception des amorces et sondes a été réalisée à partir de la séquence du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589, à l'aide du programme "Light Cycler Probe Design (Roche)". Ainsi les deux séries d'amorces et de sondes suivantes ont été sélectionnées :

- série 1 (SEQ ID NO : 60, 61, 64, 65):

- 10 - amorce sens : N+/28507 : 5'-GGC ATC GTA TGG GTT G-3' [28507-28522]
 - amorce antisens : N/-/28774 : 5'-CAG TTT CAC CAC CTC C-3' [28774-28759]
 - sonde 1 : 5'-GGC ACC CGC AAT CCT AAT AAC AAT GC-fluorescéine 3' [28561-28586]
 - sonde 2 : 5' Red705 -GCC ACC GTG CTA CAA CTT CCT-phosphate [28588-28608]

15 **- série 2 (SEQ ID NO : 62, 63, 66, 67)**

- amorce sens : N+/28375 : 5'-GGC TAC TAC CGA AGA G-3' [28375-28390]
 - amorce antisens : N/-/28702 : 5'-AAT TAC CGC GAC TAC G-3' [28702-28687]
 - sonde 1 : SRAS/N/FL : 5'-ATA CAC CCA AAG ACC ACA TTG GC - fluorescéine 3' [28541-28563]
 20 - sonde 2 : SRAS/N/LC705 : 5' Red705 -CCC GCA ATC CTA ATA ACA ATG CTG C-phosphate 3' [28565-28589]

b) analyse de l'efficacité des deux couples amorces

25 Afin de tester l'efficacité respective des deux couples d'amorces, une amplification par RT-PCR a été réalisée sur un ARN synthétique correspondant aux nucléotides 28054-29430 du génome de la souche de SARS-CoV issue du prélèvement répertorié sous le numéro 031589 et contenant la séquence du gène N.

De manière plus précise :

30 Cet ARN synthétique a été préparé par transcription *in vitro* à l'aide de l'ARN polymérase du phage T7, d'une matrice d'ADN obtenu par linéarisation du plasmide SRAS-N avec l'enzyme *Bam HI*. Après élimination de la matrice d'ADN par digestion à l'aide de DNase 1, les ARN synthétiques sont purifiés par une extraction au phénol-chloroforme suivie de deux précipitations successives en acétate d'ammonium et isopropanol. Ils sont alors quantifiés par mesure de l'absorbance à 260

nm et leur qualité est contrôlée par le rapport des absorbances à 260 et 280 nm ainsi que par une électrophorèse en gel d'agarose. Ainsi, la concentration de la préparation d'ARN synthétique utilisée pour ces études est de 1,6 mg/ml, ce qui correspond à $2,1.10^{15}$ copies/ml d'ARN.

5 Des quantités décroissantes d'ARN synthétique ont été amplifiées par RT-PCR à l'aide du kit "Superscript™ One-Step RT-PCR with Platinum® Taq" et les couples d'amorces n° 1 (N+/28507, N-/28774) (figure 1A) et n° 2 (N+/28375, N-/28702) (figure 1B), en suivant les indications du fournisseur. Les conditions d'amplification utilisées sont les suivantes : l'ADNc a été synthétisé par incubation 30 min à 10 45 °C, 15 min à 55°C puis 2 min à 94 °C puis il a été amplifié par 5 cycles comprenant : une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 45°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 30 sec, suivis de 35 cycles comprenant : une étape de dénaturation à 94°C pendant 15 sec, une étape d'hybridation à 55°C pendant 30 sec puis une étape d'élongation à 72°C pendant 30 15 sec, avec 2 sec d'élongation supplémentaire à chaque cycle, et d'une étape finale d'élongation à 72°C pendant 5 min. Les produits d'amplification obtenus ont ensuite été maintenus à 10°C.

Les résultats présentés à la figure 11 montrent que le couple d'amorces n° 2 (N+/28375, N-/28702) permet de détecter jusqu'à 10 copies d'ARN 20 (bande de faible intensité) ou 10^2 copies (bande de bonne intensité) contre 10^4 copies pour le couple d'amorces n° 1 (N+/28507, N-/28774). Les amplicons sont respectivement de 268 pb (couple 1) et de 328 pb (couple 2).

c) mise au point de la RT-PCR en temps réel

Une RT-PCR en temps réel a été mise au point à l'aide du couple 25 d'amorces n°2 et du couple de sonde constitué par SRAS/N/FL et SRAS/N/LC705 (figure 2).

L'amplification a été réalisée sur un LightCycler™ (Roche) à l'aide du kit "Light Cycler RNA Amplification Kit Hybridization Probes " (référence 2 015 145, Roche) dans les conditions optimisées suivantes. Un Mélange réactionnel contenant : H₂O (6,8 µl), MgCl₂ 25 mM (0,8 µl, 4 µM final de Mg²⁺), mélange réactionnel 30 5X (4 µl), sonde SRAS/N/FL 3µM (0,5 µl, 0,075 µM final), sonde SRAS/N/LC705 3

μM (0,5 μl , 0,075 μM final), amorce N/+28375 10 μM (1 μl , 0,5 μM final), amorce N/-28702 10 μM (1 μl , 0,5 μM final), mélange d'enzyme (0,4 μl) et échantillon (ARN viral, 5 μl) a été amplifié en suivant le programme suivant :

- Transcription inverse : 50°C 10:00min analysis mode: none
- 5 - Dénaturation : 95°C 30sec x1 analysis mode: none
- Amplification : 95°C 2sec ►
- 50°C 15sec analysis mode: quantification* ► x45
- 72°C 13sec rampe thermique 2,0°C/sec ►
- refroidissement : 40°C 30sec x1 analysis mode: none
- 10 *La mesure de fluorescence se fait à la fin de l'hybridation et à chaque cycle (en mode SINGLE).

Les résultats présentés à la figure 12 montrent que cette RT-PCR en temps réel est très sensible puisqu'elle permet de détecter 10^2 copies d'ARN synthétique dans 100% des 5 échantillons analysés (29/29 échantillons dans 8 expériences) et jusqu'à 10 copies d'ARN dans 100% des 5 échantillons analysés (40/45 échantillons dans 8 expériences). Elle montre également que cette RT-PCR permet de détecter la présence du génome du SARS-CoV dans un échantillon et de quantifier le nombre de génomes présents. A titre d'exemple, l'ARN viral d'un stock de SARS-CoV cultivé sur cellules Vero E6 a été extrait à l'aide du kit "Qiap viral RNA extraction" (Qiagen), dilué à $0,05 \cdot 10^{-4}$ et analysé par RT-PCR en temps réel selon le protocole décrit ci-dessus; l'analyse présentée à la figure 12 montre que ce stock de virus contient $6,5 \cdot 10^9$ génomes —équivalents/ml (geq/ml), ce qui est tout à fait similaire à la valeur de $1,0 \cdot 10^{10}$ geq/ml mesurée à l'aide du kit "RealArt™ HPA-Coronavirus LC RT PCR Reagents" commercialisé par Artus.

25 d) détection de l'ARN du SARS-CoV par PCR en temps réel à partir de prélèvements respiratoires

Une étude comparative a été réalisée sur une série de prélèvements respiratoires reçus par le Centre National de Référence du Virus Influenzae (région nord) et susceptibles de contenir du SARS-CoV. Pour ce faire, l'ARN a été extrait des prélèvements à l'aide du kit "Qiap viral RNA extraction" (Qiagen) et analysé par RT-PCR en temps réel, d'une part à l'aide des couples d'amorces et de sondes de la

série n° 2 dans les conditions décrites ci-dessus d'une part, et d'autre part à l'aide du kit "LightCycler SARS-CoV quantification kit" commercialisé par Roche (référence 03 604 438). Les résultats sont résumés dans le Tableau ci-dessous. Ils montrent que 18 des 26 prélèvements sont négatifs et 5 des 26 prélèvements sont positifs pour les deux kits, tandis qu'un prélèvement est positif pour le seul kit Roche et deux pour les seuls réactifs N"série2". En outre, pour 3 prélèvements (20032701, 20032712, 20032714) les quantités d'ARN détectés sont nettement supérieures avec les réactifs (sondes et amorces) de la série n°2. Ces résultats indiquent que les amorces et sondes N"série2" sont plus sensibles pour la détection du génome du SARS-CoV dans des prélèvements biologiques que celles du kit actuellement disponible.

Tableau V: Analyse par RT-PCR en temps réel des ARN extraits d'une série de prélèvements de 5 patients à l'aide des couples d'amorces et de sondes de la série n° 2 (N "série 2") ou du kit "LightCycler SARS-CoV quantification kit" (Roche). Le type de prélèvement est indiqué ainsi que le nombre de copies de génome viral mesurées dans chacun des deux tests. NEG : RT-PCR négative.

Prélèvements n°	Patient	Type de prélèvement	KIT ROCHE	N "série2"
20033082	K	nasal	NEG	NEG
20033083	K	pharyngé	NEG	NEG
20033086	K	nasal	NEG	NEG
20033087	K	pharyngé	NEG	NEG
20032802	M	nasal	NEG	NEG
20032803	M	expectoration	NEG	NEG
20032806	M	nasal ou pharyngé	NEG	NEG
20031746ARN2	C	pharyngé	NEG	NEG
20032711	C	nasal ou pharyngé	39	NEG
20032910	B	nasal	NEG	NEG
20032911	B	pharyngé	NEG	NEG
20033356	V	expectoration	NEG	NEG
20033357	V	expectoration	NEG	NEG
20031725	K	asp. endotrachéale	NEG	150
20032657	K	asp. endotrachéale	NEG	NEG
20032698	K	asp. endotrachéale	NEG	NEG
20032720	K	asp. endotrachéale	3	5
20033074	K	selles	115	257
20032701	M	pharyngé	443	1676
20032702	M	expectoration	NEG	249
20031747ARN2	C	pharyngé	NEG	NEG
20032712	C	inconnu	634	6914
20032714	C	pharyngé	17	223
20032800	B	nasal	NEG	NEG
20033353	V	nasal	NEG	NEG
20033384	V	nasal	NEG	NEG

REVENDICATIONS

1°) Souche isolée ou purifiée de coronavirus humain associé au syndrome respiratoire aigu sévère, caractérisée en ce que son génome présente sous la
 5 forme d'ADN complémentaire un codon sérine en position 23220-23222 du gène de la protéine S ou un codon glycine en position 25298-25300 du gène de l'ORF3, et un codon alanine en position 7918-7920 de l'ORF1a ou un codon sérine en position 26857-26859 du gène de la protéine M, lesdites positions étant indiquées en référence à la séquence Genbank AY274119.3.

10 2°) Souche isolée ou purifiée de coronavirus selon la revendication 1, caractérisée en ce que l'équivalent ADN de son génome présente une séquence correspondant à la séquence SEQ ID NO : 1.

3°) Polynucléotide isolé ou purifié, caractérisé en ce que sa séquence est celle du génome de la souche isolée de coronavirus selon la revendication 1 ou la
 15 revendication 2.

4°) Polynucléotide isolé ou purifié selon la revendication 3, caractérisé en ce que sa séquence est la SEQ ID NO : 1.

5°) Polynucléotide isolé ou purifié, caractérisé en ce que sa séquence hybride dans des conditions de forte stringence avec la séquence du polynucléotide
 20 selon la revendication 3 ou la revendication 4.

6°) Fragment du polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être obtenu, soit par l'utilisation d'enzymes de restriction dont les dites de reconnaissance et de coupure sont présents dans ledit polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5, soit par
 25 amplification à l'aide d'amorces oligonucléotidiques spécifiques dudit polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5, soit par transcription *in vitro*, soit par synthèse chimique.

7°) Fragment du polynucléotide selon la revendication 6, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par : l'ADNc correspondant à au
 30 moins un cadre ouvert de lecture (ORF) choisi parmi : ORF1a, ORF1b, ORF-S, ORF-E, ORF-M, ORF-N, ORF3, ORF4, ORF7 à ORF11, ORF13 et ORF14, et l'ADNc correspondant aux extrémités 5' ou 3' non-codantes dudit polynucléotide.

8°) Fragment selon la revendication 6, caractérisé en ce qu'il présente une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par :

- les séquences SEQ ID NO : 2 et 4 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-S qui code pour la protéine S,
- 5 - les séquences SEQ ID NO : 13 et 15 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-E qui code pour la protéine E,
- les séquences SEQ ID NO : 16 et 18 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-M qui code pour la protéine M,
- les séquences SEQ ID NO : 36 et 38 représentant l'ADNc correspondant à l'ORF-N qui code pour la protéine N,
- 10 - les séquences représentant les ADNc correspondant respectivement : aux ORF1a et ORF1b (SEQ ID NO : 31), aux ORF3 et ORF4 (SEQ ID NO : 7, 8), aux ORF 7 à 11 (SEQ ID NO : 19, 20), à l'ORF13 (SEQ ID NO : 32), et à l'ORF14 (SEQ ID NO : 34),
- 15 - les séquences représentant les ADNc correspondant aux extrémités 5'(SEQ ID NO : 39, 72) et 3' non-codantes (SEQ ID NO : 40, 73) du polynucléotide selon la revendication 4.

9°) Fragment selon la revendication 6, caractérisé en ce qu'il présente une séquence sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID
20 NO : 5, 6, et 41 à 54.

10°) Fragment selon la revendication 6, caractérisé en ce qu'il présente au moins 15 bases ou paires de bases consécutives de la séquence dudit polynucléotide incluant au moins une de celles situées en position 7979, 16622, 19064, 23220, 24872, 25298 et 26857.

25 11°) Fragment selon la revendication 10, caractérisé en ce qu'il inclut au moins un couple de bases ou de paires de bases correspondant aux positions suivantes : 7919 et 23220, 7919 et 25298, 16622 et 23220, 19064 et 23220, 16622 et 25298, 19064 et 25298, 23220 et 24872, 23220 et 26857, 24872 et 25298, 25298 et 26857.

30 12°) Paire d'amorces apte à amplifier un fragment du génome d'un coronavirus associé au SRAS ou de son équivalent ADN, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par :

- la paire d'amorces n° 1 correspondant respectivement aux positions 28507 à 28522 (amorce sens, SEQ ID NO : 60) et 28774 à 28759 (amorce anti-sens, SEQ ID NO : 61) de la séquence du polynucléotide selon la revendication 3 ou la revendication 4, et

5 - la paire d'amorces n° 2 correspondant respectivement aux positions 28375 à 28390 (amorce sens, SEQ ID NO : 62) et 28702 à 28687 (amorce anti-sens, SEQ ID NO : 63) de la séquence du polynucléotide selon la revendication 3 ou la revendication 4.

13°) Sonde apte à détecter la présence du génome d'un coronavirus
10 associé au SRAS ou d'un fragment de celui-ci, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par : les fragments selon l'une quelconque des revendications 6 à 11 et les fragments correspondant aux positions suivantes de la séquence du polynucléotide selon la revendication 3 ou à la revendication 4: 28561 à 28586, 28588 à 28608, 28541 à 28563 et 28565 à 28589 (SEQ ID NO : 64 à 67).

15 14°) Puce ou filtre à ADN ou à ARN, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un polynucléotide ou l'un de ses fragments tels que définis à l'une quelconque des revendications 3 à 11.

15°) Vecteur de clonage et/ou d'expression recombinant, caractérisé en ce qu'il comprend un fragment selon l'une quelconque des revendications 6 à 11.

20 16°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend le fragment de séquence SEQ ID NO : 4 et qu'il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I-3059, le 20 juin 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

25 17°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend le fragment de séquence SEQ ID NO :5 et qu'il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le sous le n° I-3020, le 12 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

30 18°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend le fragment de séquence SEQ ID NO :6 et qu'il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I-3019, le 12 mai 2003, auprès de

la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

19°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend un fragment de séquence SEQ ID NO : 8 et qu'il est compris dans
5 une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I-3126, le 13 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

20°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend le fragment de séquence SEQ ID NO : 15 et qu'il est compris dans
10 une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I-3046, le 28 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

21°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend un fragment de séquence SEQ ID NO : 18 et qu'il est compris dans
15 une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I-3047, le 28 mai 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

22°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend un fragment de séquence SEQ ID NO : 20 et qu'il est compris dans
20 une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I-3125, le 13 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

23°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend un insert de séquence SEQ ID NO : 38 et qu'il est compris dans une
25 souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I-3048, le 5 juin 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

24°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend un fragment de séquence SEQ ID NO : 39 et qu'il est compris dans
30 une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I-3124, le 7 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

25°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend un fragment de séquence SEQ ID NO : 40 et qu'il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I-3123 le 7 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

26°) Vecteur d'expression recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il contient un fragment d'ADNc sélectionné dans le groupe constitué par :

- un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale de la protéine N (SEQ ID NO : 37) avec une étiquette polyhistidine,
- un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale du fragment correspondant aux positions 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,
- un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale du fragment correspondant aux positions 14 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,
- un fragment d'ADNc codant pour une fusion N-terminale de la protéine N (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,
- un fragment d'ADNc codant pour une fusion N-terminale du fragment correspondant aux positions 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine, et
- un fragment d'ADNc codant pour une fusion N-terminale du fragment correspondant aux positions 14 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine.

27°) Vecteur d'expression recombinant selon la revendication 26, caractérisé en ce qu'il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I- 3117, le 23 octobre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

28°) Vecteur d'expression recombinant selon la revendication 26, caractérisé en ce qu'il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I- 3118, le 23 octobre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

25°) Vecteur recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il comprend un fragment de séquence SEQ ID NO : 40 et qu'il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I-3123 le 7 novembre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

26°) Vecteur d'expression recombinant selon la revendication 15, caractérisé en ce qu'il contient un fragment d'ADNc sélectionné dans le groupe constitué par :

- un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale de la protéine N (SEQ ID NO : 37) avec une étiquette polyhistidine,
- un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale du fragment correspondant aux positions 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,
- un fragment d'ADNc codant pour une fusion C-terminale du fragment correspondant aux positions 14 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine,
- un fragment d'ADNc codant pour une fusion N-terminale de la protéine N (SEQ ID NO : 37) avec une étiquette polyhistidine,
- un fragment d'ADNc codant pour une fusion N-terminale du fragment correspondant aux positions 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine, et
- un fragment d'ADNc codant pour une fusion N-terminale du fragment correspondant aux positions 14 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S (SEQ ID NO : 3) avec une étiquette polyhistidine.

27°) Vecteur d'expression recombinant selon la revendication 26, caractérisé en ce qu'il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I- 3117, le 23 octobre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

28°) Vecteur d'expression recombinant selon la revendication 26, caractérisé en ce qu'il est compris dans une souche bactérienne qui a été déposée sous le n° I- 3118, le 23 octobre 2003, auprès de la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, 25 rue du Docteur Roux, 75724 Paris Cedex 15.

29°) Banque d'ADNc, caractérisée en ce qu'elle comprend des fragments selon l'une quelconque des revendications 6 à 11.

30°) Cellules modifiées par un vecteur selon l'une quelconque des revendications 15 à 28 ou une banque selon la revendication 29.

5 31°) Protéine ou peptide isolé ou purifié, caractérisé en ce qu'il est codé par le polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5 ou l'un de ses fragments selon l'une quelconque des revendications 6 à 11.

32°) Protéine isolée ou purifiée selon la revendication 31, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par :

- 10
- la protéine S de séquence SEQ ID NO :3 ,
 - la protéine E de séquence SEQ ID NO : 14,
 - la protéine M de séquence SEQ ID NO : 17,
 - la protéine N de séquence SEQ ID NO : 37, et
 - les protéines codées par les ORF : ORF1a, ORF1b, ORF3, ORF4 et
- 15 ORF7 à ORF11, ORF13 et ORF14 de séquence respectivement, SEQ ID NO :74, 75, 10, 12, 22, 24, 26, 28, 30, 33 et 35 .

33°) Peptide isolé ou purifié selon la revendication 31, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par :

- 20
- a) les peptides correspondant aux positions 14 à 1193 et 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S,
 - b) les peptides correspondant aux positions 2 à 14 (SEQ ID NO : 69) et 100 à 221 de la séquence en acides aminés de la protéine M ; et
 - c) les peptides correspondant aux positions 1 à 12 (SEQ ID NO : 70) et 53 à 76 (SEQ ID NO : 71) de la séquence en acides aminés de la protéine E ; et
- 25
- d) les peptides de 5 à 50 acides aminés consécutifs, de préférence de 10 à 30 acides aminés, inclus ou chevauchant partiellement ou totalement la séquence des peptides tels que définis en a), b) ou c).

34°) Peptide selon la revendication 31, caractérisé en ce qu'il présente une séquence de 7 à 50 incluant un résidu d'acide aminé sélectionné dans le

30 groupe constitué par :

29°) Banque d'ADNc, caractérisée en ce qu'elle comprend des fragments selon l'une quelconque des revendications 6 à 11.

30°) Cellules modifiées par un vecteur selon l'une quelconque des revendications 15 à 28 ou une banque selon la revendication 29.

5 31°) Protéine ou peptide isolé ou purifié, caractérisé en ce qu'il est codé par le polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5 ou l'un de ses fragments selon l'une quelconque des revendications 6 à 11.

32°) Protéine isolée ou purifiée selon la revendication 31, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par :

- 10
- la protéine S de séquence SEQ ID NO : 3 ,
 - la protéine E de séquence SEQ ID NO : 14,
 - la protéine M de séquence SEQ ID NO : 17,
 - la protéine N de séquence SEQ ID NO : 37, et
 - les protéines codées par les ORF : ORF1a, ORF1b, ORF3, ORF4
- 15 et ORF7 à ORF11, ORF13 et ORF14 de séquence respectivement, SEQ ID NO : 74, 75, 10, 12, 22, 24, 26, 28, 30, 33 et 35 .

33°) Peptide isolé ou purifié selon la revendication 31, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par :

- 20
- a) les peptides correspondant aux positions 14 à 1193 et 475 à 1193 de la séquence en acides aminés de la protéine S,
 - b) les peptides correspondant aux positions 2 à 14 (SEQ ID NO : 69) et 100 à 221 de la séquence en acides aminés de la protéine M ; et
 - c) les peptides correspondant aux positions 1 à 12 (SEQ ID NO : 70) et 53 à 76 (SEQ ID NO : 71) de la séquence en acides aminés de la protéine E ; et
- 25
- d) les peptides de 5 à 50 acides aminés consécutifs, de préférence de 10 à 30 acides aminés, inclus ou chevauchant partiellement ou totalement la séquence des peptides tels que définis en a), b) ou c).

34°) Peptide selon la revendication 31, caractérisé en ce qu'il est constitué de 7 à 50 acides aminés consécutifs codés par un fragment tel que défini à la

30 revendication 10, lequel peptide est sélectionné dans le groupe constitué par :

- un peptide comprenant l'alanine située en position 2252 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF1a,

- l'alanine située en position 2252 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF1a de la souche isolée de coronavirus telle que définie à la revendication 1 ou à la revendication 2,

5 - la sérine située en position 577 de la séquence en acides aminés de la protéine S de la souche isolée de coronavirus telle que définie à la revendication 1 ou à la revendication 2,

- la glycine en position 11 de la séquence en acides aminés de l'ORF3 de la souche isolée de coronavirus telle que définie à la revendication 1 ou à la revendication 2, et

10 - la sérine en position 154 de la séquence en acides aminés de la protéine M de la souche isolée de coronavirus telle que définie à la revendication 1 ou à la revendication 2.

35°) Anticorps ou fragment d'anticorps monoclonal ou polyclonal, susceptible d'être obtenu par immunisation d'un animal avec un vecteur recombinant selon l'une quelconque des revendications 15 à 28, une banque selon la revendication 15 29, ou bien une protéine ou un peptide selon l'une quelconque des revendications 31 à 34, caractérisé en ce qu'il se lie avec l'une au moins des protéines codées par le génome de la souche isolée ou purifié de coronavirus, telles que définies à la revendication 31.

20 36°) Puce ou filtre à protéine ou à peptide, caractérisé en ce qu'il comprend une protéine ou un peptide selon l'une quelconque des revendications 31 à 34 ou bien un anticorps ou un fragment d'anticorps selon la revendication 35.

37°) Réactif de détection d'un coronavirus associé au SRAS, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par :

25 (a) une paire d'amorces selon la revendication 12, une sonde selon la revendication 13, ou une puce ou filtre à ADN ou à ARN selon la revendication 14,

(b) un vecteur recombinant selon l'une quelconque des revendications 15 à 26 ou une cellule modifiée selon la revendication 28,

30 (c) une souche isolée de coronavirus selon la revendication 1 ou la revendication 2 ou un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5,

(d) une protéine ou un peptide selon l'une quelconque des revendications 31 à 34,

- un peptide comprenant la sérine située en position 577 de la séquence en acides aminés de la protéine S ,

- un peptide comprenant la glycine en position 11 de la séquence en acides aminés de la protéine codée par l'ORF3, et

5 - un peptide comprenant la sérine en position 154 de la séquence en acides aminés de la protéine M.

35°) Anticorps ou fragment d'anticorps monoclonal ou polyclonal, susceptible d'être obtenu par immunisation d'un animal avec un vecteur recombinant selon l'une quelconque des revendications 15 à 28, une banque selon la revendication 10 29, ou bien une protéine ou un peptide selon l'une quelconque des revendications 31 à 34, caractérisé en ce qu'il se lie avec l'une au moins des protéines codées par le génome de la souche isolée ou purifié de coronavirus, telles que définies à la revendication 31.

36°) Puce ou filtre à protéine ou à peptide, caractérisé en ce qu'il 15 comprend une protéine ou un peptide selon l'une quelconque des revendications 31 à 34 ou bien un anticorps ou un fragment d'anticorps selon la revendication 35.

37°) Réactif de détection d'un coronavirus associé au SRAS, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par :

(a) une paire d'amorces selon la revendication 12, une sonde selon la 20 revendication 13, ou une puce ou filtre à ADN ou à ARN selon la revendication 14,

(b) un vecteur recombinant selon l'une quelconque des revendications 15 à 28 ou une cellule modifiée selon la revendication 30,

(c) une souche isolée de coronavirus selon la revendication 1 ou la revendication 2 ou un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5,

25 (d) une protéine ou un peptide selon l'une quelconque des revendications 31 à 34,

(e) un anticorps ou un fragment d'anticorps selon la revendication 35, et

30 (f) une puce ou un filtre à protéine ou à peptide selon la revendication 36.

38°) Utilisation d'un produit sélectionné dans le groupe constitué par : une paire d'amorces selon la revendication 12, une sonde selon la revendication

(e) un anticorps ou un fragment d'anticorps selon la revendication 35, et

(f) une puce ou un filtre à protéine ou à peptide selon la revendication 36.

5 38°) Utilisation d'un produit sélectionné dans le groupe constitué par : une paire d'amorces selon la revendication 12, une sonde selon la revendication 13, une puce ou un filtre à ADN ou à ARN selon la revendication 14, un vecteur recombinant selon l'une quelconque des revendications 15 à 28, une cellule modifiée selon la revendication 30, une souche isolée de coronavirus selon la revendication 1 ou la revendication 2, un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5, pour la préparation d'un réactif de détection et éventuellement de génotypage d'un coronavirus associé au SRAS.

39°) Méthode de détection d'un coronavirus associé au SRAS, à partir d'un échantillon biologique, laquelle méthode est caractérisée en ce qu'elle
15 comprend au moins :

(a) l'extraction d'acides nucléiques présents dans ledit échantillon biologique;

(b) l'amplification d'un fragment de l'ORF-N par RT-PCR à l'aide d'un couple d'amorces selon la revendication 12, et

20 (c) la détection par tout moyen approprié des produits d'amplifications obtenus en (b).

40°) Méthode selon la revendication 39, caractérisé en ce que l'étape (b) de détection est réalisée à l'aide d'au moins une sonde correspondant aux positions 28561 à 28586, 28588 à 28608, 28541 à 28563 et 28565 à 28589 de la séquence du
25 polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5.

41°) Kit ou coffret de détection d'un coronavirus associé au SRAS, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un réactif sélectionné dans le groupe constitué par : une paire d'amorces selon la revendication 12, une sonde selon la revendication 13, une puce ou un filtre à ADN ou à ARN selon la revendication 14, un
30 vecteur recombinant selon l'une quelconque des revendications 15 à 28, une cellule modifiée selon la revendication 30, une souche isolée de coronavirus selon la

13, une puce ou un filtre à ADN ou à ARN selon la revendication 14, un vecteur recombinant selon l'une quelconque des revendications 15 à 28, une cellule modifiée selon la revendication 30, une souche isolée de coronavirus selon la revendication 1 ou la revendication 2, un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5, pour la préparation d'un réactif de détection et éventuellement de génotypage d'un coronavirus associé au SRAS.

39°) Méthode de détection d'un coronavirus associé au SRAS, à partir d'un échantillon biologique, laquelle méthode est caractérisée en ce qu'elle comprend au moins :

10 (a) l'extraction d'acides nucléiques présents dans ledit échantillon biologique,

(b) l'amplification d'un fragment de l'ORF-N par RT-PCR à l'aide d'un couple d'amorces selon la revendication 12, et

15 (c) la détection par tout moyen approprié des produits d'amplifications obtenus en (b).

40°) Méthode selon la revendication 39, caractérisé en ce que l'étape (c) de détection est réalisée à l'aide d'au moins une sonde correspondant aux positions 28561 à 28586, 28588 à 28608, 28541 à 28563 et 28565 à 28589 de la séquence du polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5.

20 41°) Kit ou coffret de détection d'un coronavirus associé au SRAS, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un réactif sélectionné dans le groupe constitué par : une paire d'amorces selon la revendication 12, une sonde selon la revendication 13, une puce ou un filtre à ADN ou à ARN selon la revendication 14, un vecteur recombinant selon l'une quelconque des revendications 15 à 28, une cellule
25 modifiée selon la revendication 30, une souche isolée de coronavirus selon la revendication 1 ou la revendication 2 et un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5.

revendication 1 ou la revendication 2 et un polynucléotide selon l'une quelconque des revendications 3 à 5.

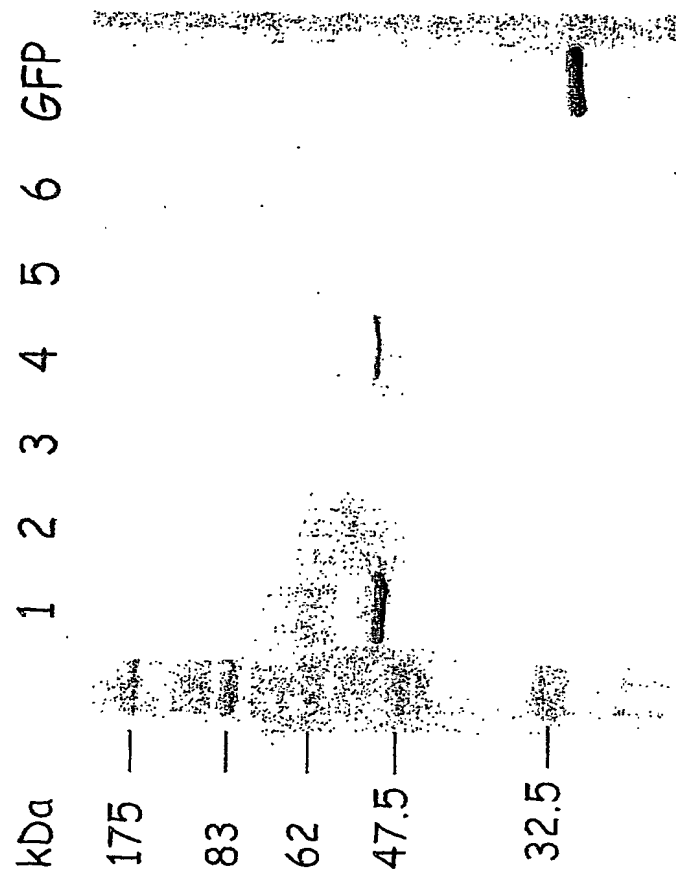


Figure 1

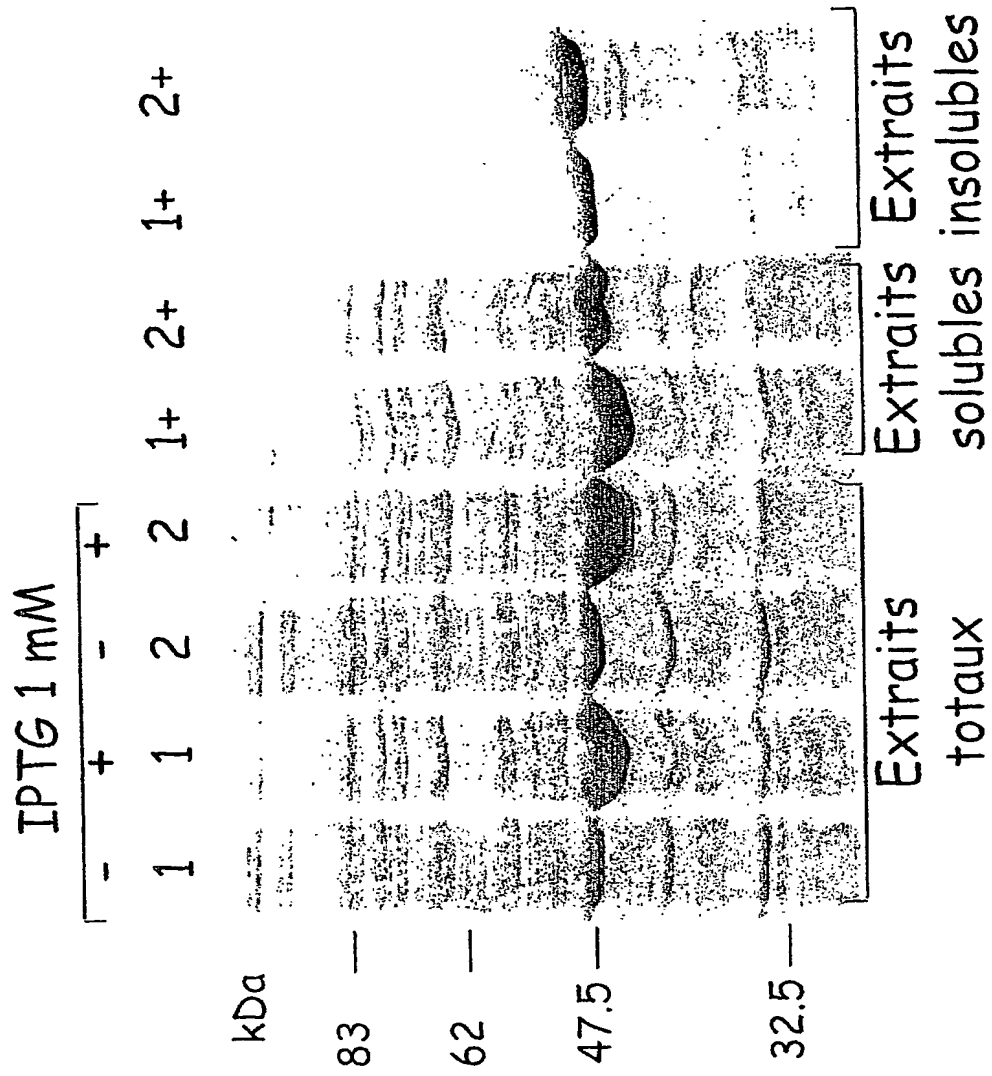


Figure 2

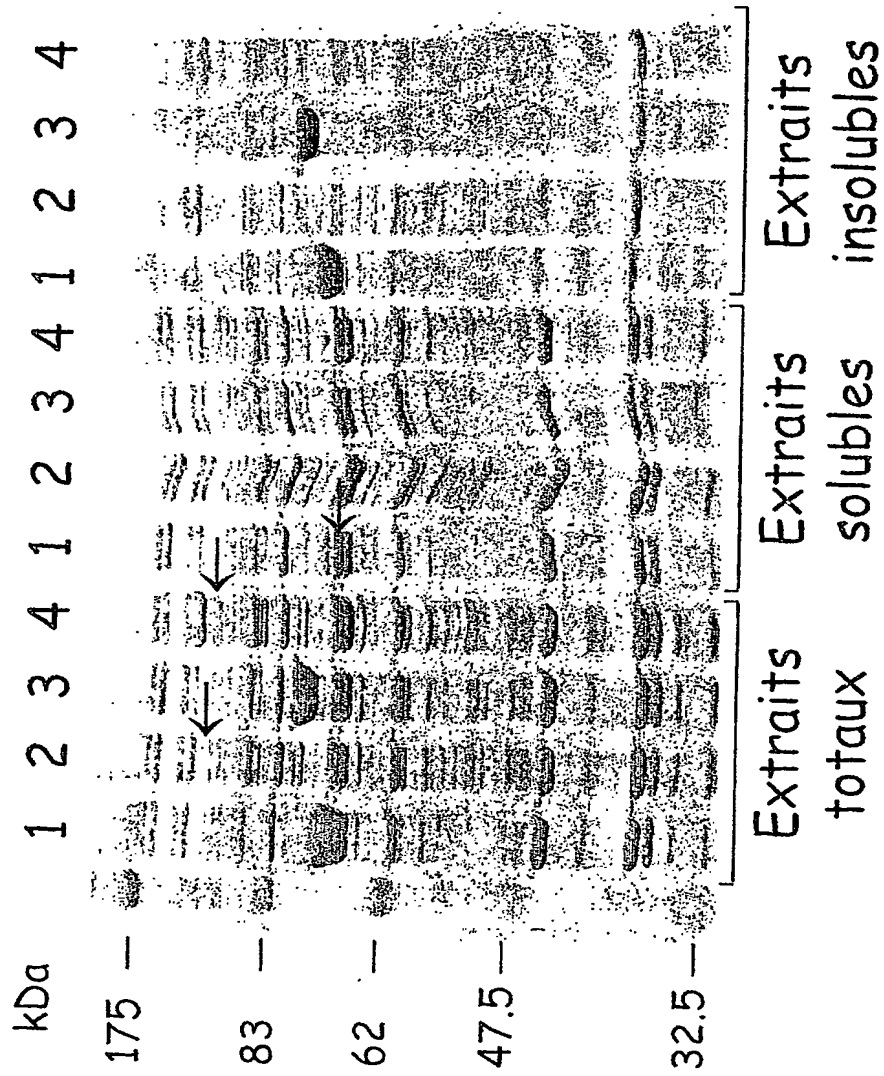


Figure 3

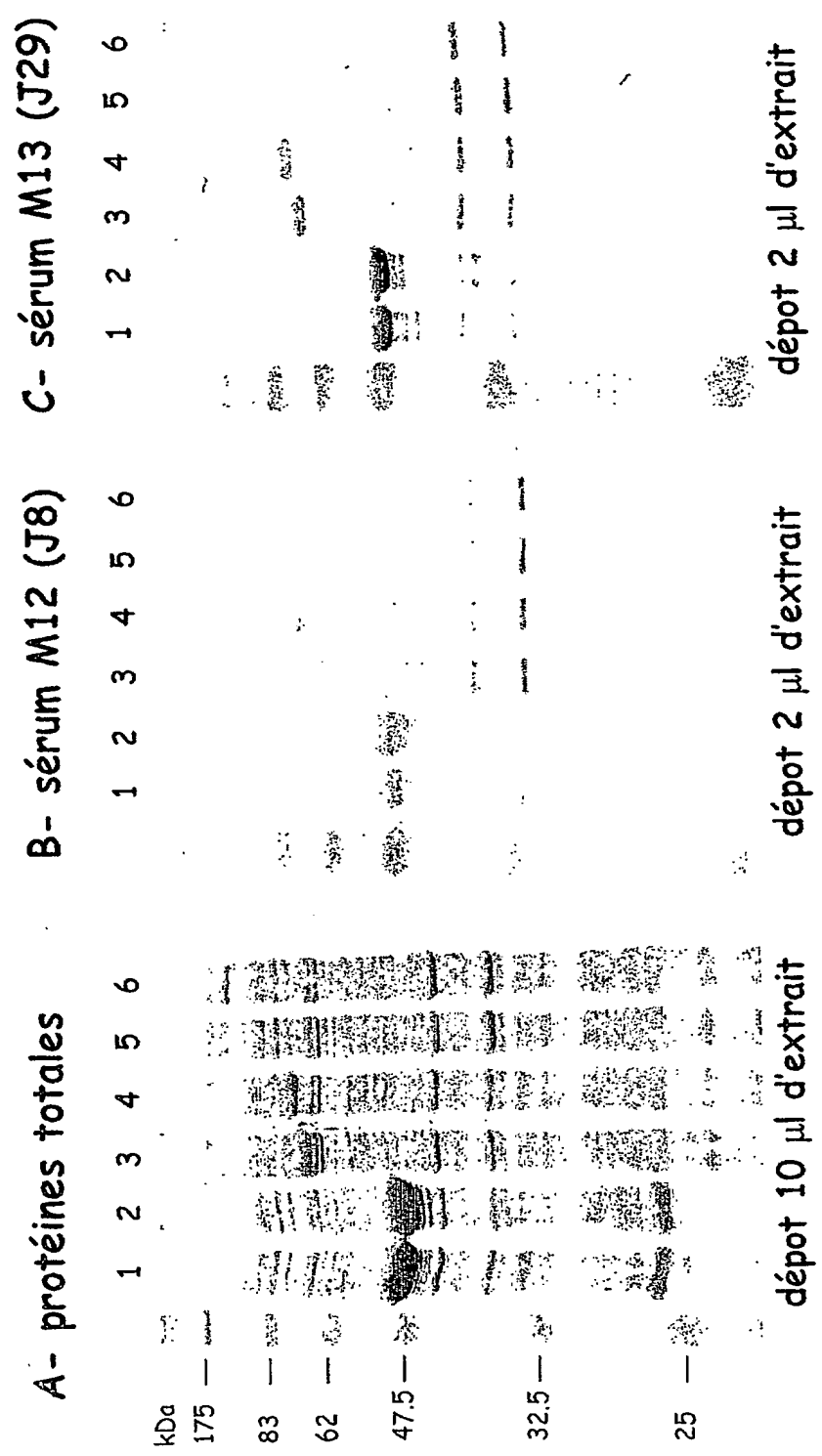


Figure 4

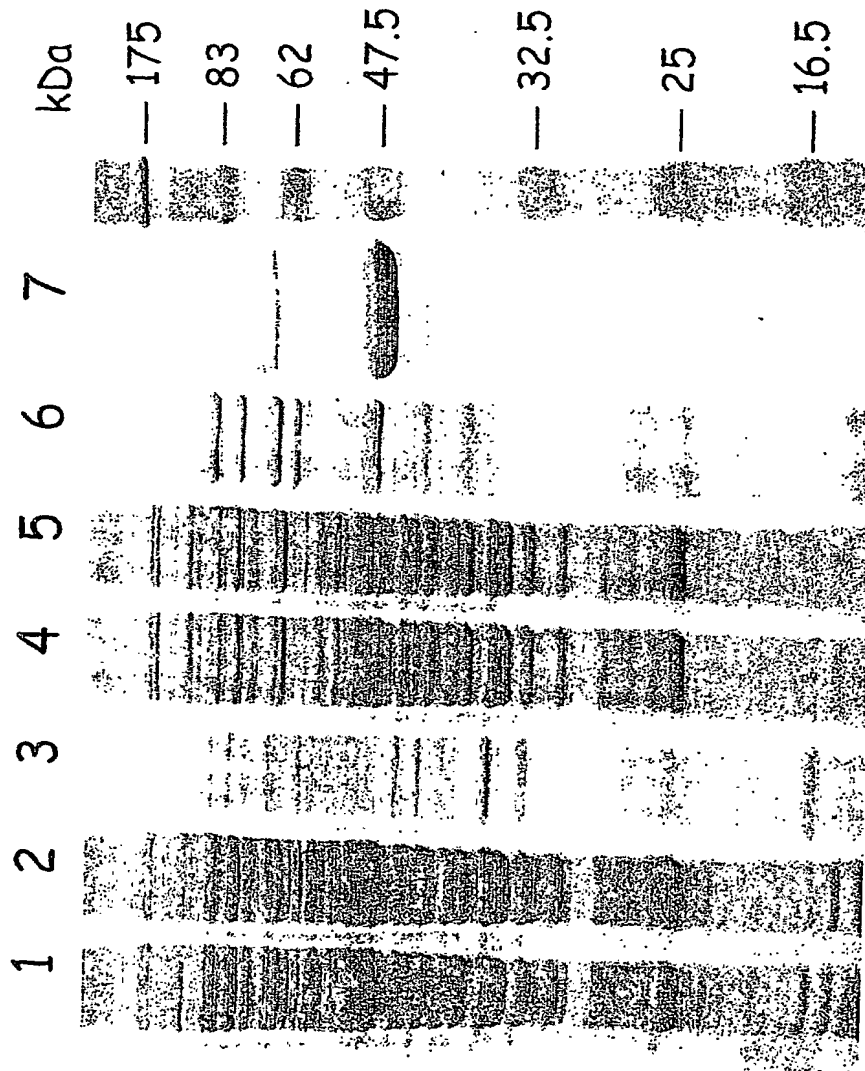


Figure 5

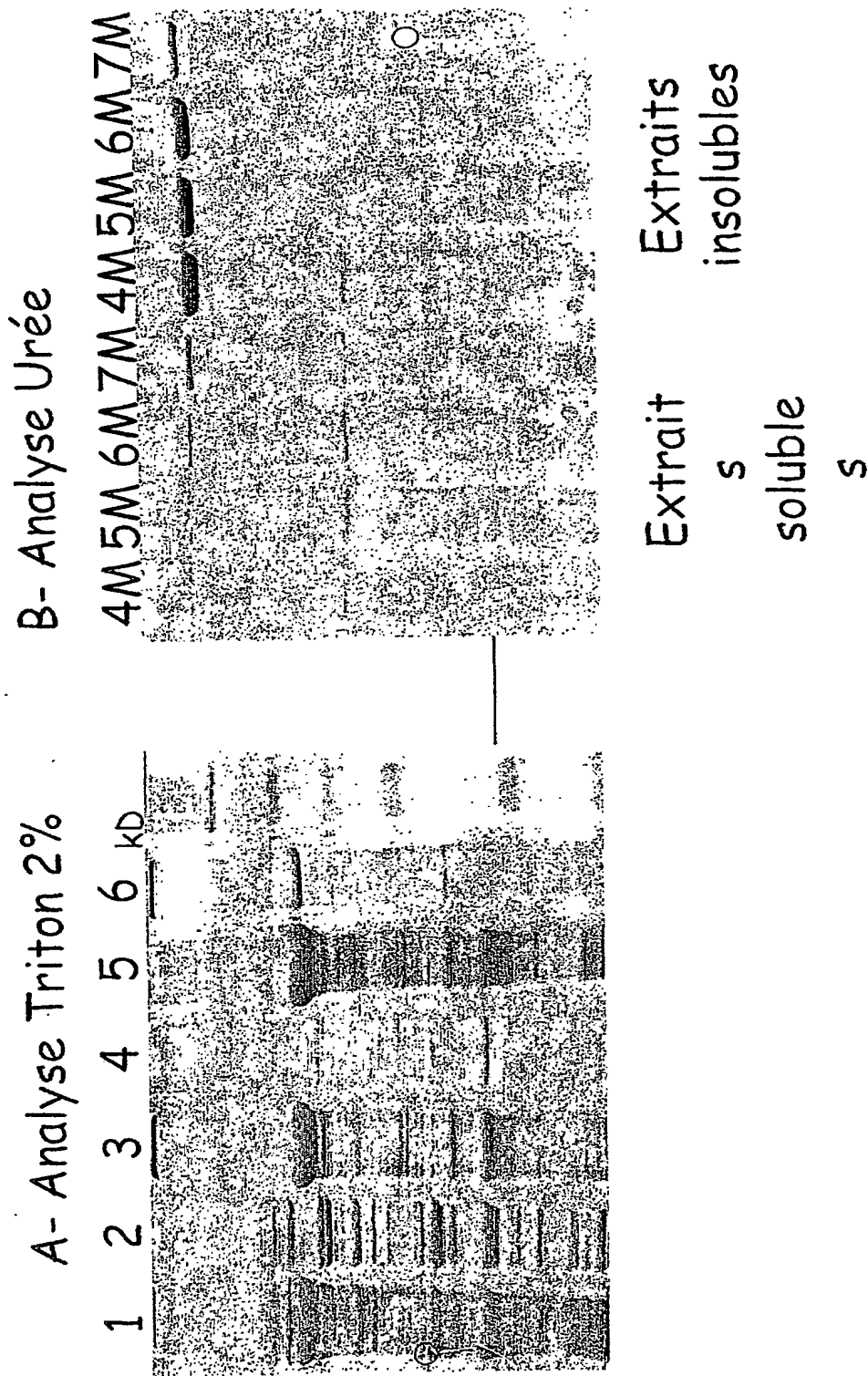


Figure 6

7/83

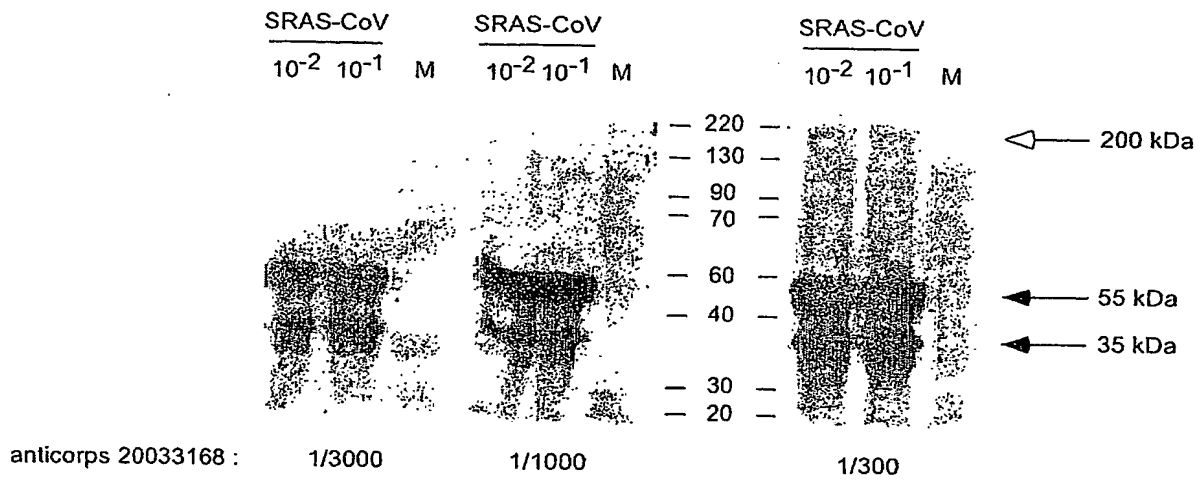


FIGURE 7

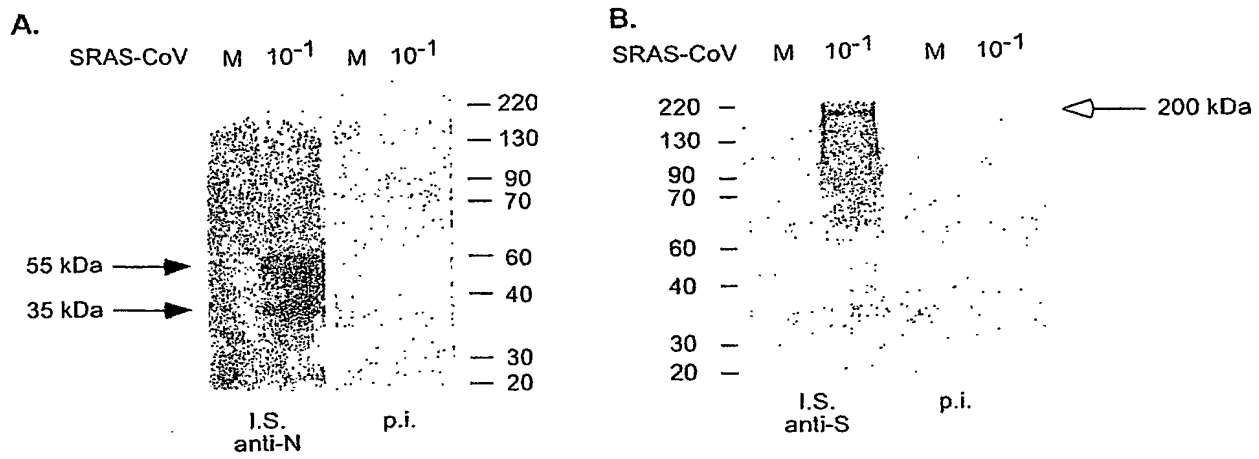
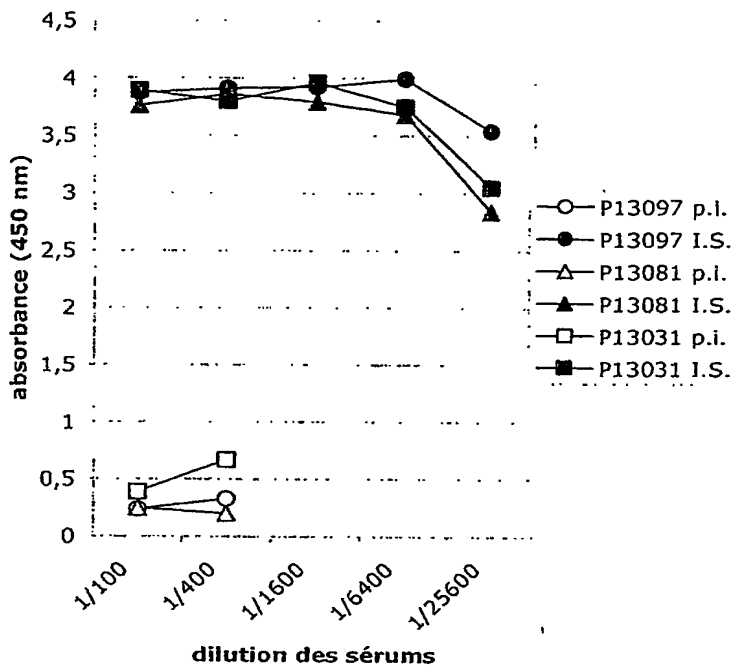


FIGURE 8

9/83

A



B

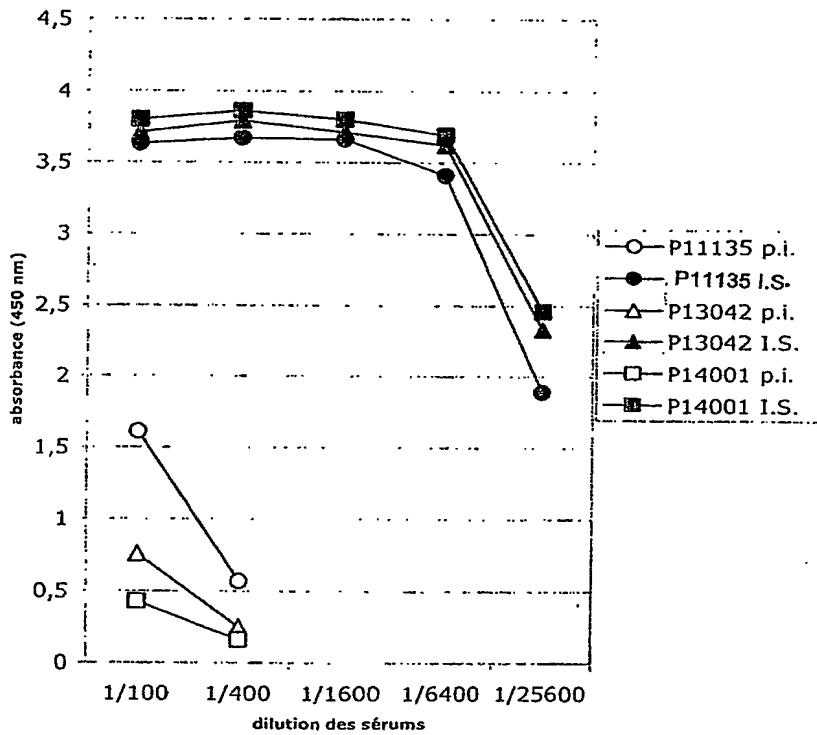
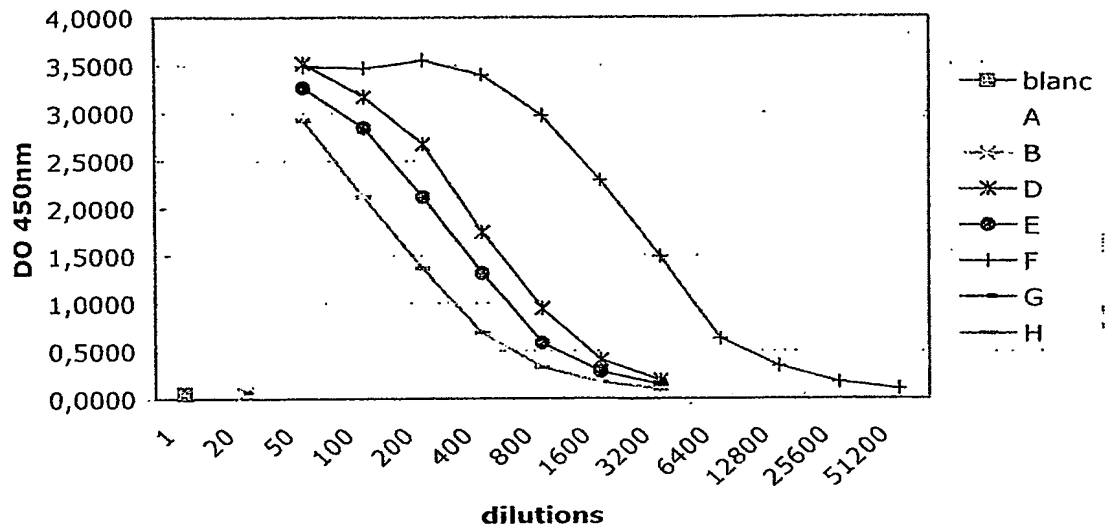
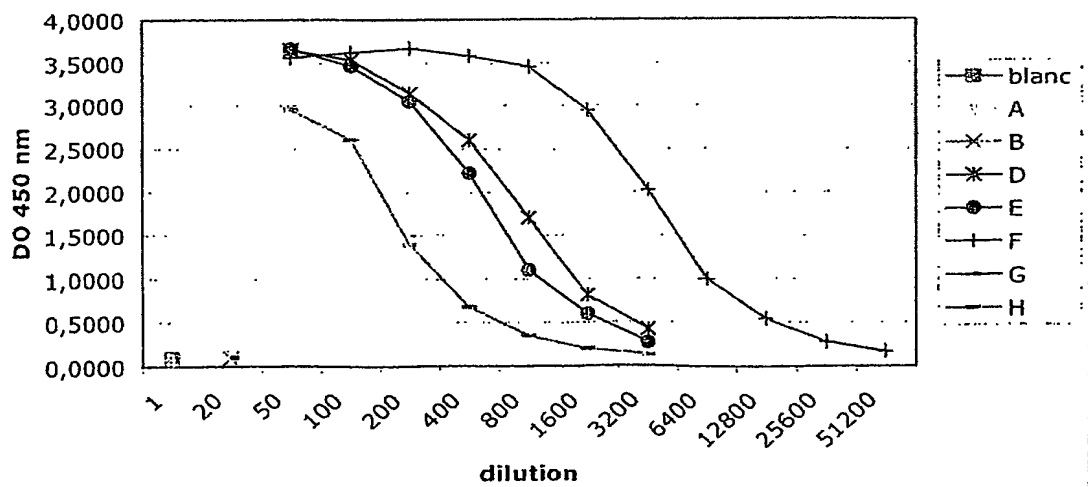
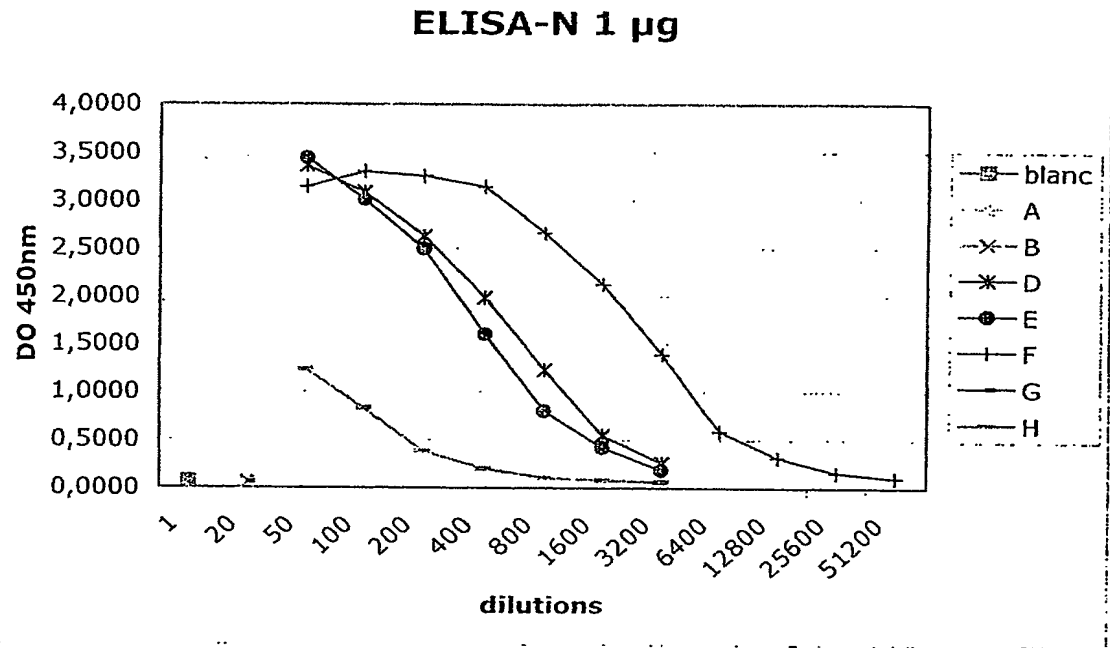
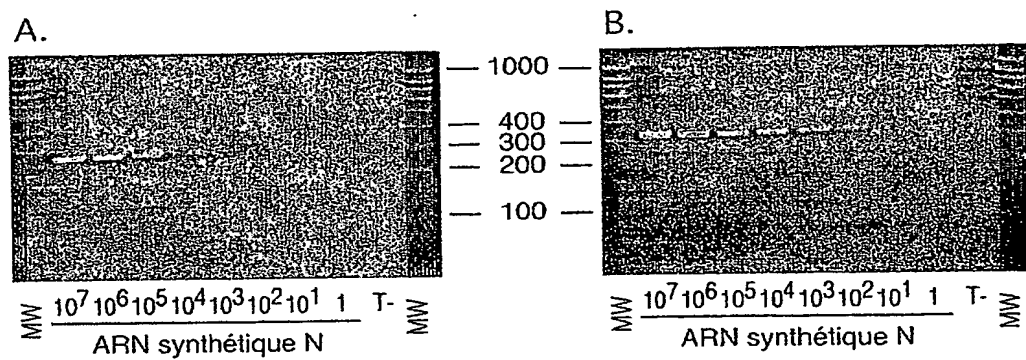


Figure 9

ELISA-N 4 μ g**ELISA-N 2 μ g****Figure 10a**

11/83

**Figure 10b**

**Figure 11**

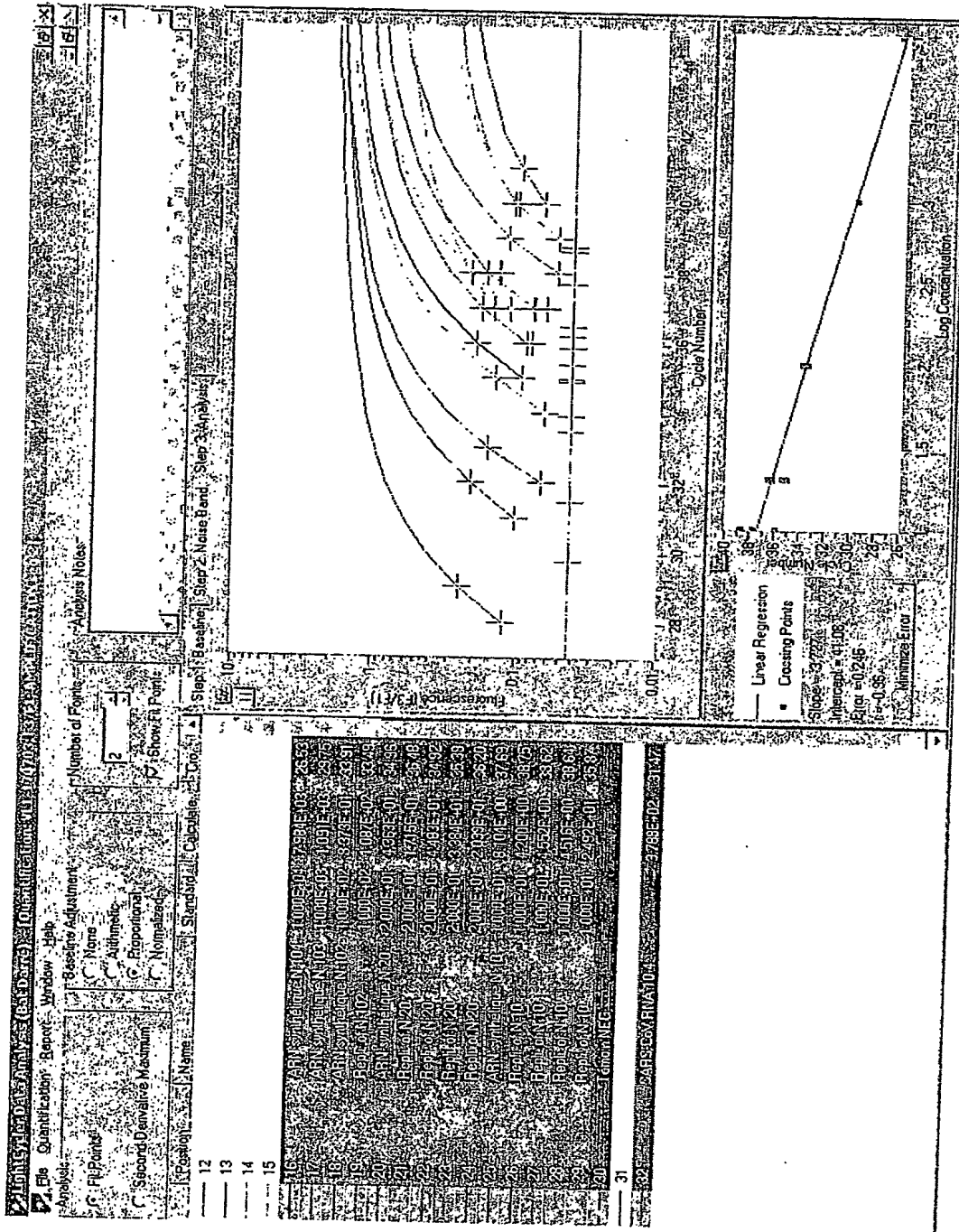


Figure 12

```

                                >< XhoII
                                >< Sau3AI
                                >< NdeII
                                >< MflI
                                >< MboI
                                >< DpnII
                                >< DpnI
                                >< BstYI
                                >< BspAI
                                >< Bsp143I
                                >< BglII
                                >< Bsp143I>< BglII
ATATTAGGTT TTTACCTACC CAGGAAAAGC CAACCAACCT CGATCTCTTG TAGATCTGTT CTCTAAACGA
    10          20          30          40          50          60          70

                                >< VneI
                                >< SphI
                                >< SnoI
                                >< RmaI
                                >< PaeI >< SduI
                                >< NspI >< NspII
                                >< NspHI >< HgiAI
                                >< NlaIII >< Bsp1286I
                                >< MaeI >< BmyI
                                >< ApaLI
                                >< Alw44I
                                >< Alw21I
>< Tru9I
>< MseI >< BbvI
>< DraI >< AluI >< Fnu4HI
ACTTTAAAAT CTGTGTAGCT GTCGCTCGGC TGCATGCCTA GTGCACCTAC GCAGTATAAA CAATAATAAA
    80          90          100          110          120          130          140

                                >< SfcI
                                >< PstI
                                >< MnlI
                                >< Ksp632I
                                >< EarI
                                >< Eam1104I
>< HindII >< MboII >< EarI
>< HincII >< MaeIII >< Eam1104I
TTTACTGTC GTTGACAAGA AACGAGTAAC TCGTCCCTCT TCTGCAGACT GCTTACGGTT TCGTCCGTGT
    150          160          170          180          190          200          210

>< TthHB8I >< StyI
>< TaqI >< RmaI >< ScrFI
>< Sau3AI >< MaeI >< NciI
>< NdeII >< EcoT14I >< MspI
>< MboI >< Eco130I >< MaeIII
>< DpnII >< BssT1I >< HpaII
>< DpnI >< BsaJI >< HapII
>< BspAI >< BlnI >< DsaV
>< Bsp143I >< AvrII >< BcnI
TGCAGTCGAT CATCAGCATA CCTAGGTTTC GTCCGGGTGT GACCGAAAGG TAAGATGGAG AGCCTTGTC
    220          230          240          250          260          270          280

                                >< RmaI
                                >< Esp3I >< MaeII
                                >< BsmAI >< MaeI
                                >< Alw26I >< BsmBI
TTGGTGTCAG CGAGAAAACA CACGTCCAAC TCAGTTTGCC TGTCCTTCAG GTTAGAGACG TGCTAGTGCG
    290          300          310          320          330          340          350

```

FIGURE 13.1

15/83

```

>< Sau96I
  >< PssI
    >< Pali
  >< NspIV
    >< MnlI
      >< HaeIII
        >< EcoO109I
          >< DraII>< MboII >< PmlI
            >< MnlI >< Cfr13I >< PmaCI
              >< Ksp632I >< BsuRI > < MaeII
                >< HinfI >< BsiZI>< EcoNI >< Eco72I
                  >< EarI >< BshI >< BslI >< BsaAI
                    >< PleI >< Eam1104I>< AsuI >< BsiYI>< BbrPI >< MnlI
TGGCTTCGGG GACTCTGTGG AAGAGGCCCT ATCGGAGGCA CGTGAACACC TCAAAAATGG CACTTGTGGT
  360      370      380      390      400      410      420

                                >< Tru9I
                                >< SfaNI
  >< RmaI                                >< BspWI                                >< MseI
  >< MaeI >< AluI                                >< AfaI >< AluI                                > < MaeII
CTAGTAGAGC TGGAAAAGG CGTACTGCCC CAGCTTGAAC AGCCCTATGT GTTCATTAAA CGTTCTGATG
  430      440      450      460      470      480      490

                                >< RsaI
                                >< HaeIII
  >< Tru9I                                >< GdiII                                >< RsaI
  >< MseI                                >< EaeI                                McrI ><
  >< Esp4I                                >< BsuRI                                >< Csp6I
  >< AflII                                >< BshI                                >< BsmI BsiEI ><
CCTTAAGCAC CAATCACGGC CACAAGGTCTG TTGAGCTGGT TGCAGAAATG GACGGCATTG AGTACGGTCTG
  500      510      520      530      540      550      560

                                >< NspI
                                >< ScaI                                >< NspHI
                                >< RsaI                                >< NlaIII
                                > < Csp6I                                >< BslI
  >< BsrI                                >< BsiYI                                >< MboII
  >< AciI                                >< AfaI >< AflIII                                >< MboII
TAGCGGTATA AACTGGGAG TACTCGTGCC ACATGTGGGC GAAACCCCAA TTGCATACCG CAATGTTCTT
  570      580      590      600      610      620      630

                                >< TthHB8I
                                >< TaqI
                                >< Sau3AI
                                >< NdeII
                                >< MboI
                                >< DpnII
                                > < DpnI
                                >< ClaI
                                >< Bsu15I
                                >< BspDI
                                >< BspAI
                                > < Bsp143I
                                >< Bsp106I
                                >< BsiXI                                MaeIII >
                                >< BscI>< SfaNI DdeI ><
                                >< BanIII                                BfrI ><
CTTCGTAAGA ACGGTAATAA GGGAGCCGGT GGTTCATAGCT ATGGCATCGA TCTAAAGTCT TATGACTTAG
  640      650      660      670      680      690      700

```

FIGURE 13.3

17/83

```

>< MvaI      >< Hin6I      >< SduI      >< Csp45I
>< Ecl136I   >< HhaI      >< NspII     >< BstBI
>< BstOI     >< HaeII     >< HgiAI     >< Bsp119I
>< BstNI     >< Eco47III   >< Bsp1286I  >< BsiCI
>< BsiLI     >< CfoI      >< BmyI      >< Bpu14I
>< ApyI >< DdeI >< Bsp143II >< AluI      >< Alw21I    >< AsuII
CTGGTTCAC   GAGCGCTCTG ATAAGAGCTA CGAGCACCAG ACACCCCTTCG AAATTAAGAG TGCCAAGAAA
    990         1000         1010         1020         1030         1040         1050

                                >< Tru9I
                                >< BsmI
                                >< MseI
                                >< MnlI
TTTGACACTT  TCAAAGGGGA ATGCCCAAAG TTTGTGTTTC CTCTTAACTC AAAAGTCAAA GTCATTCAAC
    1060         1070         1080         1090         1100         1110         1120

>< PmlI
>< PmaCI
>< MaeII
>< Eco72I
>< BsaAI
>< BbrPI
>< AflIII   >< MnlI>< DdeI
CACGTGTTGA  AAAGAAAAAG ACTGAGGGTT TCATGGGGCG TATACGCTCT GTGTACCCTG TTGCATCTCC
    1130         1140         1150         1160         1170         1180         1190

>< SfaNI
>< MaeIII   >< AccI
ACAGGAGTGT  AACAATATGC ACTTGTCTAC CTTGATGAAA TGTAATCATT GCGATGAAGT TTCATGGCAG
    1200         1210         1220         1230         1240         1250         1260

                                >< SinI
                                >< Sau96I
                                >< PssI ><
                                >< Psp5II
                                >< PpuMI
                                >< NspIV
                                >< NspHII
                                >< Eco47I
                                >< DraII
                                >< Cfr13I
                                >< BsiZI
                                >< Bme18I
                                >< AvaII
                                >< AsuI
>< MaeII
ACGTGCGACT  TTCTGAAAGC CACTTGTGAA CATTGTGGCA CTGAAAATTT AGTTATTGAA GGACCTACTA
    1270         1280         1290         1300         1310         1320         1330

                                EcoO109I >< AflIII >

                                Van91I ><
                                SinI ><
                                Sau96I ><
                                PflMI ><
                                NspIV ><
                                NspHII >
                                Eco47I ><
                                Cfr13I ><
                                BsiI ><
                                BsiZI ><
                                BsiYI ><
                                Bme18I ><
                                AvaII ><
                                AsuI ><

>< RsaI
>< NspI
>< NlaIV
>< NlaIII
>< NspHI>< KpnI
>< Eco64I
>< Csp6I
>< BscBI
>< BanI
>< Asp718
>< AfaI
>< AccB1I

```

```

    >< Acc65I          >< SfcI          >< NlaIII          AccB7I ><
CATGTGGGTA CCTACCTACT AATGCTGTAG TGAAAATGCC ATGTCCTGCC TGTCAAGACC CAGAGATTGG
    1340          1350          1360          1370          1380          1390          1400

                                >< TthHB8I
                                >< TaqI>< MnlI
                                >< HinfI

    >< DdeI          >< PleI          >< AciI
ACCTGAGCAT AGTGTTCAG ATTATCACAA CCACTCAAAC ATTGAAACTC GACTCCGCAA GGGAGGTAGG
    1410          1420          1430          1440          1450          1460          1470

    >< RmaI          NlaIV ><
    >< MnlI          >< BsrI
    >< MaeI          >< BbvI          >< Fnu4HI          BscBI ><
ACTAGATGTT TTGGAGGCTG TGTGTTTGCC TATGTTGGCT GCTATAATAA GCGTGCCTAC TGGGTTCCCTC
    1480          1490          1500          1510          1520          1530          1540

                                XhoII ><
                                Sau3AI ><
                                NdeII ><
                                MflI ><
                                MboI ><
                                >< MaeIII
                                >< Eco31I          DpnII ><
                                >< PalI          >< BsrI          >< MnlI DpnI >
                                >< HaeIII          >< BsmAI          BstYI ><
    >< RmaI          >< BsuRI          >< BsrI          >< BsaI>< HphI          BspAI ><
    >< MnlI          >< DdeI          >< BspWI          >< Alw26I          Bsp143I >
    >< MaeI          >< BshI>< BglI          >< Alw26I          Bsp143I >
GTGCTAGTGC TGATATTGGC TCAGGCCATA CTGGCATTAC TGGTGACAAAT GTGGAGACCT TGAATGAGGA
    1550          1560          1570          1580          1590          1600          1610

                                > < Tru9I
                                > < MseI
                                >< MaeII          >< Tru9I
                                >< HpaI          > < MnlI
                                >< HindII          > < Ksp632I
                                >< HinfI >< PleI >< HincII          > < EarI
                                >< AlwI >< DdeI          >< AflIII          >< MseI          > < Eam1104I
TCTCCTTGAG ATACTGAGTC GTGAACGTGT TAACATTAAC ATTGTTGGCG ATTTTCATTT GAATGAAGAG
    1620          1630          1640          1650          1660          1670          1680

                                >< MboII          PleI ><
                                >< BstXI          >< SfaNI          > < HinfI
GTTGCCATCA TTTTGGCATC TTTCTCTGCT TCTACAAGTG CCTTTATTGA CACTATAAAG AGTCTTGATT
    1690          1700          1710          1720          1730          1740          1750

                                >< StyI
                                >< MaeIII
                                >< EcoT14I
                                >< PleI          >< Eco130I
                                >< MaeIII          >< BssT1I          BslI ><
                                >< HinfI>< AciI          >< BsaJI          BsiYI ><
ACAAGTCTTT CAAAACCATT GTTGAGTCCT GCGGTAAC TAAGTTACC AAGGGAAAGC CCGTAAAAGC
    1760          1770          1780          1790          1800          1810          1820

                                >< Sau3AI          >< Van91I
                                >< NdeII          >< PflMI
                                >< MboI          >< DraIII
                                >< DpnII          >< BslI
                                >< DpnI >< Tru9I          >< BsiYI
                                >< BspAI >< MseI          >< BbvI          >< MnlI
                                >< Bsp143I          >< AccB7I          Fnu4HI ><

```

FIGURE 135

19/83

```

TGCTTGGAAC ATTGGACAAC AGAGATCAGT TTTAACACCA CTGTGTGGTT TTCCCTCACA GGCTGCTGGT
1830      1840      1850      1860      1870      1880      1890

      >< Thai
      >< SfaNI
      >< MvnI
      >< HinPII
    >< HinPII
      >< Hin6I
    >< Hin6I
      >< HhaI
    >< Sau3AI      >< HhaI
    >< NdeII      >< CfoI
    >< MboI      >< CfoI
    >< DpnII      >< BstUI
      >< DpnI    >< BssHII
    >< BspAI      >< Bsp50I
      >< Bsp143I >< AccII
      >< Fnu4HI  >< BbvI
GTTATCAGAT CAATTTTTCG GCGCACACTT GATGCAGCAA ACCACTCAAT TCCTGATTGG CAAAGAGCAG
1900      1910      1920      1930      1940      1950      1960

      >< TthHB8I
      >< StyI
      >< NcoI
      >< HindII
      >< HincII
      >< HinfI
      >< EcoT14I
      >< Eco57I
    >< TaqI>< Eco130I
    >< SalI >< DsaI
    >< RtrI >< BssTII
      >< BsaHI
      >< BbiII>< NlaIII
      >< AcyI >< HgaI
    >< MaeIII
      >< BbvI
      >< MaeII >< AccI>< BsaJI      HphI ><
CTGTCACCAT ACTTGATGGT ATTTCTGAAC AGTCATTACG TCTTGTCGAC GCCATGGTTG ATACTTCAGA
1970      1980      1990      2000      2010      2020      2030

      >< RsaI
      >< Csp6I
    >< BspMI
      >< NdeI
      >< MaeIII >< BsrI >< AfaI      >< DdeI
CCTGCTCACC AACAGTGTC TATTATGGC ATATGTAAC GGTGGTCTTG TACAACAGAC TTCTCAGTGG
2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100

      >< StuI
      >< PstI
      >< HaeIII
      >< Eco147I
      >< SduI
    >< DdeI
      >< NspII
      >< BsuRI
      >< Bsp1286I >< BshI
      >< BmyI      >< AatI      >< MnlI
TTGTCTAATC TTTTGGGCAC TACTGTTGAA AAATCAGGC CTATCTTTGA ATGGATTGAG GCGAAACTTA
2110      2120      2130      2140      2150      2160      2170

      >< TfiI
      >< HinfI
      >< FokI
      >< SfaNI >< BsgI
      >< Tth111I ><
GTGCAGGAGT TGAATTTCTC AAGGATGCTT GGGAGATTCT CAAATTTCTC ATTACAGGTG TTTTGACAT
2180      2190      2200      2210      2220      2230      2240

```

20/83

```

                                Tru9I ><
                                MseI ><
                                HpaI >
                                HindII >
                                HincII >
    >< Eco57I
CGTCAAGGGT CAAATACAGG TTGCTTCAGA TAACATCAAG GATTGTGTAA AATGCTTCAT TGATGTTGTT
    2250          2260          2270          2280          2290          2300          2310

                                >< Sau3AI
                                >< NdeII
                                >< MboI
                                > < MaeIII
                                >< FbaI
                                >< DpnII
                                >< DpnI
                                >< BspAI
                                >< Bsp143I
    >< TthHB8I    >< BsiQI
    >< TaqI        >< BclI
AACAAAGGCAC TCGAAATGTG CATTGATCAA GTCACATATCG CTGGCGCAAA GTTGCGATCA CTCAACTTAG
    2320          2330          2340          2350          2360          2370          2380

                                >< PvuII
                                >< MaeII
                                >< Bst1107I
                                >< BsaAI
                                >< BbvI
                                >< HphI
                                >< DrdI
                                >< AccI
                                >< Psp5I
                                >< NspBII
                                >< Fnu4HI
                                > < Fnu4HI
                                >< AluI
GTGAAGTCTT CATCGCTCAA AGCAAGGGAC TTTACCGTCA GTGTATACGT GGCAAGGAGC AGCTGCAACT
    2390          2400          2410          2420          2430          2440          2450

    >< Tru9I
    >< NlaIV
    >< MseI
    >< MnlI
    >< Esp4I
    >< Eco64I
    >< BscBI
    >< NlaIII >< BanI
    >< AflIII
    >< BbvI
    >< AccBII
    >< MaeIII
    >< TfiI
    >< HinfI
    >< HphI
    >< AfaI
ACTCATGCCT CTTAAGGCAC CAAAAGAAGT AACCTTTCTT GAAGGTGATT CACATGACAC AGTACTTACC
    2460          2470          2480          2490          2500          2510          2520

                                > < XhoI
                                >< TthHB8I
    >< TthHB8I >< TaqI
                                > < SlaI
                                > < PaeR7I
                                > < NspIII
    >< HphI >< HinII
    > < Eco88I
    > < CcrI
    >< Esp3I >< BsaHI
    > < BcoI
    >< BsmAI >< BbiII
    > < AvaI
                                >< HgaI
    >< TaqI > < Ama87I >< BsmBI
                                >< Alw26I >< AclI
                                >< AluI
    >< DdeI >< MnlI
TCTGAGGAGG TTGTTCTCAA GAACGGTGAA CTCGAAGCAC TCGAGACGCC CGTTGATAGC TTCACAAATG
    2530          2540          2550          2560          2570          2580          2590

```

FIGURE 13.7

21/83

```

                                >< Pali >< NlaIII
                                >< HaeIII >< MnlI
                                >< BsuRI >< DdeI >< Tru9I
                                >< BshI >< BfrI >< MseI
GAGCTATCGT TGGCACACCA GTCTGTGTAA ATGGCCTCAT GCTCTTAGAG ATTAAGGACA AAGAACAATA
    2600      2610      2620      2630      2640      2650      2660

                                >< VneI
                                Tru9I ><
                                >< SnoI
                                >< SduI
                                >< NspII
                                MseI ><
                                >< HgiAI
                                Bsp1286I >< BslI ><
                                BsiYI ><
                                >< BmyI
                                >< ApaLI
                                >< Tru9I >< Alw44I
                                >< MseI >< Alw21I
CTGCGCATTG TCTCCTGGTT TACTGGCTAC AAACAATGTC TTTCGCTTAA AAGGGGGTGC ACCAATTAAA
    2670      2680      2690      2700      2710      2720      2730

                                >< TfiI
                                >< MaeIII >< MboII > < MaeIII >< HinfI AluI ><
GGTGTAACCT TTGGAGAAGA TACTGTTTGG GAAGTTCAAG GTTACAAGAA TGTGAGAATC ACATTGAGC
    2740      2750      2760      2770      2780      2790      2800

                                >< RsaI
                                >< NlaIV
                                MaeIII ><
                                >< MspI >< KpnI
                                >< HpaII
                                >< HapII
                                > < Eco64I
                                >< SduI >< Csp6I
                                >< NspII >< TfiI >< BscBI
                                >< HgiAI > < BanI
                                >< Bsp1286I > < Asp718
                                >< BmyI >< HinfI >< AfaI
                                >< Alw21I > < AccB1I
                                >< AccI > < Acc65I
TTGATGAACG TGTGACAAA GTGCTTAATG AAAAGTGCTC TGTCTACACT GTTGAATCCG GTACCGAAGT
    2810      2820      2830      2840      2850      2860      2870

                                >< Sau3AI
                                >< NdeII
                                >< MboI
                                >< DpnII
                                > < DpnI
                                >< NspI
                                >< NspHI
                                >< NlaIII
                                >< MboII >< BspAI
                                > < BsrI > < Bsp143I
>< DdeI >< MnlI >< AlwNI >< BbsI >< AlwNI
TACTGAGTTT GCATGTGTTG TAGCAGAGGC TGTGTGAAG ACTTTACAAC CAGTTTCTGA TCTCCTTACC
    2880      2890      2900      2910      2920      2930      2940

                                >< Sau3AI
                                >< NdeII
                                >< MboI
                                >< DpnII
                                >< DpnI
                                >< BspAI

```

FIGURE 138

```

>< NlaIII>< Bsp143I          >< AluI          >< SfaNI
AACATGGGTA TTGATCTTGA TGAGTGGAGT GTAGCTACAT TCTACTTATT TGATGATGCT GGTGAAGAAA
2950      2960      2970      2980      2990      3000      3010

                                >< SfaNI
                                >< MnlI
                                >< Ksp632I      >< MnlI
                                >< EarI      >< MboII
                                >< Eam1104I      >< MboII
>< HphI  >< MaeII>< BpmI      >< MnlI  >< Eam1104I      >< MboII
ACTTTTCATC ACGTATGTAT TGTTCCTTTT ACCCTCCAGA TGAGGAAGAA GAGGACGATG CAGAGTGTGA
3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080

                                >< RsaI
                                >< RsaI
                                >< NlaIII
                                >< MnlI      >< FokI
                                >< Csp6I      Eco31I ><
                                >< Csp6I      >< MamI BsmAI ><
                                >< AfaI      >< BsiBI BsaI ><
                                >< MboII      >< BsaB1Alw26I ><
                                >< AfaI      >< BsaB1Alw26I ><
GGAAGAAGAA ATTGATGAAA CCTGTGAACA TGAGTACGGT ACAGAGGATG ATTATCAAGG TCTCCCTCTG
3090      3100      3110      3120      3130      3140      3150

>< NlaIV>< PvuII>< XmnI
>< Eco64I >< Psp5I      >< TthHB8I
>< MnlI >< DdeI      >< TaqI      >< MnlI      >< MboII
>< BscBI>< NspBII >< MnlI      >< Ksp632I      >< MboII >< MboII
>< BanI      >< MnlI      >< EarI      >< BsrI
>< AccB1I >< AluI >< Asp700I      >< Eam1104I >< MboII>< BbsI
GAATTTGGTG CCTCAGCTGA AACAGTTCGA GTTGAGGAAG AAGAAGAGGA AGACTGGCTG GATGATACTA
3160      3170      3180      3190      3200      3210      3220

                                >< Tru9I
                                >< MseI      >< Eco57I
>< FokI      >< BsrI>< MboII BsrI ><
>< DdeI      CTGAGCAATC AGAGATTGAG CCAGAACCAG AACCTACACC TGAAGAACCA GTTAATCAGT TTAATGGTTA
3230      3240      3250      3260      3270      3280      3290

                                >< MnlI
>< Tru9I      >< Tru9I >< HindII>< Tru9I      >< DraIII
>< MseI      >< MseI >< HincII>< MseI      >< BspWI
>< DraI      TTTAAACTT ACTGACAATG TTGCCATTAA ATGTGTTGAC ATCGTTAAGG AGGCACAAAG TGCTAATCCT
3300      3310      3320      3330      3340      3350      3360

                                >< VneI
                                >< SnoI
                                >< SduI
                                >< NspII
                                >< HgiAI
                                >< Bsp1286I
                                >< BmyI
                                >< ApaLI
                                >< Alw44I
                                >< Alw21I
>< BbvI      >< HphI      >< NlaIII      >< BspMI
ATGGTGATTG TAAATGCTGC TAACATACAC CTGAAACATG GTGGTGGTGT AGCAGGTGCA CTCAACAAGG
3370      3380      3390      3400      3410      3420      3430

                                >< Sau96I
                                >< Pali
                                >< NspIV
                                >< HaeIII
                                >< Cfr13I
>< NlaIV

```

FIGURE 13.9

23/83

```

>< Eco64I
>< BscBI
>< BanI
>< AccBII>< NlaIII
CAACCAATGG TGCCATGCAA AAGGAGAGTG ATGATTACAT TAAGCTAAAT GGCCCTCTTA CAGTAGGAGG
3440 3450 3460 3470 3480 3490 3500

>< BsuRI
>< BsiZI
>< BshI
>< MnlI
>< AluI
>< AsuI
>< MnlI
>< SinI
>< Sau96I
>< NspIV
>< NspHI>< NspHII
>< Eco47I
>< Cfr13I
>< NlaIII
>< BspMI
>< BsiZI
>< Bme18I
>< AvaII MnlI ><
>< DdeI
>< NspI>< AsuI FokI ><
GTCTTGTTTG CTTTCTGGAC ATAATCTTGC TAAGAAGTGT CTGCATGTTG TTGGACCTAA CCTAAATGCA
3510 3520 3530 3540 3550 3560 3570

>< Tru9I
>< HphI> < MseI
>< Esp4I
>< AluI
>< NdeI
>< AflII>< Fnu4HI >< BbvI
GGTGAGGACA TCCAGCTTCT TAAGGCAGCA TATGAAAATT TCAATTCACA GGACATCTTA CTTGCACCAT
3580 3590 3600 3610 3620 3630 3640

RsaI ><
Csp6I ><
AfaI ><
>< Eco57I
>< BcgI
TGTTGTCAGC AGGCATATTT GGTGCTAAAC CACTTCAGTC TTTACAAGTG TGCCTGCAGA CGGTTCGTAC
3650 3660 3670 3680 3690 3700 3710

>< BsgI
>< BcgI/a
>< BspMI
>< AluI
>< NlaIII
ACAGGTTTAT ATTGCAGTCA ATGACAAAGC TCTTTATGAG CAGGTTGTCA TGGATTATCT TGATAACCTG
3720 3730 3740 3750 3760 3770 3780

>< RmaI
>< MaeI
>< MnlI
>< Eco57I
>< BscBI
>< NlaIV
>< TfiI
>< MboII
>< HinfI
>< DdeI
AAGCCTAGAG TGGAAGCACC TAAACAAGAG GAGCCACCAA ACACAGAAGA TTCCAAAACT GAGGAGAAAT
3790 3800 3810 3820 3830 3840 3850

>< Tru9I
>< StuI
>< Pali
>< MseI
>< MnlI
>< MaeIII
>< HaeIII
>< EcoO65I
>< Eco147I
>< Eco91I
>< BsuRI
>< BshI
>< BstPI
>< AatI
>< BstEII
>< RsaI
>< Csp6I
>< AfaI
>< TthHB8I
>< TaqI
CTGTCGTACA GAAGCCTGTC GATGTGAAGC CAAAAATTAA GGCCTGCATT GATGAGGTTA CCACAACACT
3860 3870 3880 3890 3900 3910 3920

TfiI ><
NlaIII ><
HinfI ><
>< DdeI
>< EcoRV
>< HindIII

```

```

>< BsrI      >< MboII      >< MaeIII      >< Eco32I      >< AluI
GGAAGAACT AAGTTTCTTA CCAATAAGTT ACTCTTGTTC GCTGATATCA ATGGTAAGCT TTACCATGAT
3930      3940      3950      3960      3970      3980      3990

      >< NspI
      >< NspHI
      >< NlaIII
      >< MnlI      >< SfaNI
      >< DdeI      >< EcoNI
      >< DdeI      >< BfrI      >< MboII >< BslI      >< NlaIII
TCTCAGAACA TGCTTAGAGG TGAAGATATG TCTTTCCTTG AGAAGGATGC ACCTTACATG GTAGGTGATG
4000      4010      4020      4030      4040      4050      4060

      >< SpeI
      >< RmaI
      >< MaeI      >< EcoRV>< HphI      >< SfaNI
      >< HphI      >< Eco32I      >< MnlI      >< DdeI
TTATCACTAG TGGTGATATC ACTTGTGTTG TAATACCCTC CAAAAGGCT GGTGGCACTA CTGAGATGCT
4070      4080      4090      4100      4110      4120      4130

      >< ScrFI
      >< RsaI
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< Ecl136I
      >< DsaV
      >< Csp6I >< EcoNI
      >< BstOI
      >< BstNI
      >< BsiLI
      >< BsaJI
      >< BsaAI      >< BslI
      >< MaeII>< ApyI
      >< AfaI      >< BsiYI
CTCAAGAGCT TTGAAGAAAG TGCCAGTTGA TGAGTATATA ACCACGTACC CTGGACAAGG ATGTGCTGGT
4140      4150      4160      4170      4180      4190      4200

      >< Tru9I
      >< MseI
      >< DdeI      >< Esp4I      >< RsaI
      >< MnlI      >< BspWI      >< Csp6I
      >< FokI      >< AluI      >< AflII      >< Eco57I >< AfaI
TATACACTTG AGGAAGCTAA GACTGCTCTT AAGAAATGCA AATCTGCATT TTATGTACTA CCTTCAGAAG
4210      4220      4230      4240      4250      4260      4270

      >< ScrFI
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< XmnI      >< Ecl136I      NlaIII ><
      >< Ksp632I      >< RmaI      >< DsaV      Ksp632I ><
      >< EarI      >< TfiI>< MboII      >< BstOI      >< EarI
      >< Eam1104I      >< MaeI      >< BstNI      Eam1104I ><
      >< DdeI      >< HinfI      >< BsiLI      BsmAI ><
      >< BspWI      >< Asp700I      >< ApyI      Alw26I ><
CACCTAATGC TAAGGAAGAG ATTCTAGGAA CTGTATCCTG GAATTTGAGA GAAATGCTTG CTCATGCTGA
4280      4290      4300      4310      4320      4330      4340

      >< VspI      >< Zsp2I
      >< Tru9I      >< Ppu10I
      >< MseI      >< NsiI
      >< MboII      >< NlaIII      >< FokI
      >< Eco57I      >< Mph1103I      >< FokI

```

FIGURE 13. 11

25/83

```

                >< AsnI                >< EcoT22I                >< BspWI
                >< AseI                >< AvaIII                >< BglI                >< MaeII
AGAGACAAGA AAATTAATGC CTATATGCAT GGATGTTAGA GCCATAATGG CAACCATCCA ACGTAAGTAT
4350      4360      4370      4380      4390      4400      4410

                >< SfaNI
                >< Tru9I                > < HindII                >< TfiI                >< SpeI
                >< MseI                > < HincII>< MboII                >< RmaI
                >< MnlI                >< DrdI >< HinfI                >< MaeI
AAAGGAATTA AAATTCAAGA GGGCATCGTT GACTATGGTG TCCGATTCTT CTTTTATACT AGTAAAGAGC
4420      4430      4440      4450      4460      4470      4480

                >< MaeIII
>< SfcI                >< Fnu4HI                >< MunI
                >< AluI                >< AluI                >< AciI                MaeIII ><
CTGTAGCTTC TATTATTACG AAGCTGAACT CTCTAAATGA GCCGCTTGTC ACAATGCCAA TTGGTTATGT
4490      4500      4510      4520      4530      4540      4550

                >< ThaI
                >< MvnI
                >< MboII
                >< HinPII
>< HinPII
                >< Hin6I
>< Hin6I
                >< HhaI
                >< HhaI
                >< Tru9I
>< NlaIII                >< Fnu4HI
                >< MseI                >< CfoI
                >< MnlI                >< CfoI
                >< Ksp632I                >< BstUI
                >< EarI                >< BssHII>< BspWI                >< Tru9I
                >< Eam1104I                >< Bsp50I                >< MseI
                >< BbvI                >< AccII                >< AluI                HphI ><
GACACATGGT TTTAATCTTG AAGAGGCTGC GCGCTGTATG CGTTCTCTTA AAGCTCCTGC CGTAGTGTCA
4560      4570      4580      4590      4600      4610      4620

                >< MaeIII
>< SfaNI                >< AlwNI                >< MnlI >< MnlI>< DdeI
GTATCATCAC CAGATGCTGT TACTACATAT AATGGATAACC TCACTTCGTC ATCAAAGACA TCTGAGGAGC
4630      4640      4650      4660      4670      4680      4690

                >< SinI
                >< Sau96I
                >< NspIV
                >< NspHII
>< SduI                >< Eco47I
>< NspII                >< Cfr13I
>< HgiAI                >< Bsi2I
>< Bsp1286I                >< Bme18I                >< RsaI
>< BmyI                >< AvaII                >< Csp6I
>< Alw21I                >< AsuI                >< AfaI
ACTTTGTAGA AACAGTTTCT TTGGCTGGCT CTTACAGAGA TTGGTCCTAT TCAGGACAGC GTACAGAGTT
4700      4710      4720      4730      4740      4750      4760

                > < TthHB8I
                > < TaqI
                >< SduI
                >< NspII
                >< Van91I                >< RsaI                >< PflMI                >< Eco24I
                >< Tru9I                >< HphI                >< BslI                >< Bsp1286I
                >< MseI                >< Csp6I                >< BsiYI                >< BmyI                >< GsuI ><
                >< Esp4I

```

FIGURE 13.12

```

                >< AflIII >< MaeIII                >< AfaI >< AccB7I >< BanIIBpmI ><
AGGTGTTGAA TTTCTTAAGC GTGGTGACAA AATTGTGTAC CACACTCTGG AGAGCCCCGT CGAGTTTCAT
4770          4780          4790          4800          4810          4820          4830

                >< Tru9I
                >< PleI >< EcoNI
                >< MnlII >< BslI
                >< BsmAI >< BsiYI
                >< MnlI                >< HphI                >< HinfI>< Alw26I>< AciI >< MseI
CTTGACGGTG AGGTTCTTTC ACTTGACAAA CTAAAGAGTC TCTTATCCCT GCGGGAGGTT AAGACTATAA
4840          4850          4860          4870          4880          4890          4900

                >< AluI                >< NdeI
AAGTGTTTAC AACTGTGGAC AACACTAATC TCCACACACA GCTTGTGGAT ATGTCTATGA CATATGGACA
4910          4920          4930          4940          4950          4960          4970

                >< SinI
                >< Sau96I
                >< NspIV
                >< NspHII
                >< Eco47I
                >< Cfr13I
                >< Bsi2I
                >< Bme18I
                >< AvaII
                >< AsuI
                >< MaeIII >< Tru9I                >< MnlI
                >< FokI                >< MseI                >< BspHI
GCAGTTTGGT CCAACATACT TGGATGGTGC TGATGTTACA AAAATTAAAC CTCATGTAA TCATGAGGGT
4980          4990          5000          5010          5020          5030          5040

                >< TthHB8I
                >< TaqI
                >< RsaI
                >< RmaI                >< SnaBI                >< ScaI
                >< MaeI                >< MaeII>< HindIII >< RsaI
                >< Csp6I                >< Eco105I                >< Csp6I
                >< AfaI                >< BsaAI >< AluI                >< AfaI
AAGACTTTCT TTGTACTACC TAGTGATGAC AACTACGTA GTGAAGCTTT CGAGTACTAC CATACTCTTG
5050          5060          5070          5080          5090          5100          5110

                >< RsaI
                >< NspI
                >< NspHI
                >< NlaIII
                >< Csp6I                >< Tru9I
                >< AflIII >< MseI
                >< AfaI                >< DraI
                >< MnlI >
                >< BslI ><
                >< BsiYI ><
ATGAGAGTTT TCTTGGTAGG TACATGTCTG CTTTAAACCA CACAAAGAAA TGGAAATTTT CTCAAGTTGG
5120          5130          5140          5150          5160          5170          5180

                >< Tru9I >< Tru9I                >< RmaI
                >< MseI >< MseI                >< MunI                >< MaeI                >< AluI >
TGGTTTAACT TCAATTAAAT GGGCTGATAA CAATTGTTAT TTGTCTAGTG TTTTATTAGC ACTTCAACAG
5190          5200          5210          5220          5230          5240          5250

                >< SfaNI
                >< SduI
                >< NspII
                >< Eco24I
                >< Bsp1286I
                >< BmyI                >< HphI >
                >< BbvI Fnu4HI ><
                >< MnlI                >< BanII >< BspWI

```

FIGURE 13.13

27/83

```

CTTGAAGTCA AATTCAATGC ACCAGCACTT CAAGAGGCTT ATTATAGAGC CCGTGCTGGT GATGCTGCTA
  5260          5270          5280          5290          5300          5310          5320

>< VneI
>< SnoI
    >< SduI
    >< NspII
    >< HgiAI
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
>< ApaLI
>< Alw44I
    >< Alw21I
ACTTTTGTGC ACTCATACTC GCTTACAGTA ATAAACTGT TGGCGAGCTT GGTGATGTCA GAGAACTAT
  5330          5340          5350          5360          5370          5380          5390
                                >< AluI
                                MboII ><
                                >< HphI
                                >< SphI
                                >< PaeI
                                >< NspI
                                >< NspHI >< TfiI
                                >< Tru9I
                                >< MseI
>< SfcI >< NlaIII>< HinfI
GACCCATCTT CTACAGCATG CTAATTTGGA ATCTGCAAAG CGAGTTCTTA ATGTGGTGTG TAAACATTGT
  5400          5410          5420          5430          5440          5450          5460
                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< AluI
                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                Esp4I >
                                >< AfaI
                                AflIII >
GGTCAGAAAA CTACTACCTT AACGGGTGTA GAAGCTGTGA TGTATATGGG TACTCTATCT TATGATAATC
  5470          5480          5490          5500          5510          5520          5530
                                >< RsaI
                                >< MboII
                                >< RmaIHinfI ><
                                >< Csp6I
                                >< MaeI >< BbsI
                                >< AfaI
>< Tru9I
>< MseI
                                >< SfaNI
                                >< NlaIII
TTAAGACAGG TGTTTCCATT CCATGTGTGT GTGGTCGTGA TGCTACACAA TATCTAGTAC AACAGAGTC
  5540          5550          5560          5570          5580          5590          5600
                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< AfaI
                                >< DdeI
                                >< BspWI >< BspMI
                                >< PaeI
                                >< BsqI
TTCTTTTGTT ATGATGTCTG CACCACCTGC TGAGTATAAA TTACAGCAAG GTACATTCTT ATGTGCGAAT
  5610          5620          5630          5640          5650          5660          5670
                                >< RsaI
                                >< Eco31I
                                >< DdeI
                                >< BsmAI
                                >< BsaI
                                MnlI ><
                                >< Alw26I
                                HphI >
GAGTACACTG GTAACATCA GTGTGGTCAT TACACTCATA TAACTGCTAA GGAGACCCTC TATCGTATTG
  5680          5690          5700          5710          5720          5730          5740
                                >< SstI
                                >< SinI
                                >< SduI
                                >< Sau96I
                                >< SacI
                                >< NspIV
                                >< NspII
                                >< NspHII
                                >< HgiAI
                                >< Eco24I
                                >< Eco47I
                                >< Cfr13I
                                >< Ecl136II
                                >< Bsi2I
                                >< Bsp1286I
                                >< Bme18I
                                >< BmyI

```

FIGURE 13. 14

28/83

```

    >< BanII
    >< Alw21I
    >< AluI
ACGGAGCTCA CCTTACAAAG ATGTCAGAGT ACAAAGGACC AGTGAAGTAT GTTTTCTACA AGGAAACATC
    5750          5760          5770          5780          5790          5800          5810

                                >< TthHB8I
                                >< TaqI >< MaeIII
TTACTACTACA ACCATCAAGC CTGTGTCGTA TAAACTCGAT GGAGTTACTT ACACAGAGAT TGAACCAAAA
    5820          5830          5840          5850          5860          5870          5880

                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< SfcI >< BbvI
                                >< Fnu4HI >< AfaI
    >< FokI
TTGGATGGGT ATTATAAAAA GGATAATGCT TACTATACAG AGCAGCCTAT AGACCTTGTA CCAACTCAAC
    5890          5900          5910          5920          5930          5940          5950

                                Tru9I ><
                                SwaI ><
                                MseI ><
                                > < NspI
                                > < NspHI
                                > < NlaIII
                                >< AflIII
                                BsaBI ><
CATTACCAAA TCGAGTTTTT GATAATTTCA AACTCACATG TTCTAACACA AAATTTGCTG ATGATTTAAA
    5960          5970          5980          5990          6000          6010          6020

                                >< MboII
                                >< AluI >< AluI >< MaeIII
TCAAATGACA GGCTTCACAA AGCCAGCTTC ACGAGAGCTA TCTGTACAT TCTTCCCAGA CTTGAATGGC
    6030          6040          6050          6060          6070          6080          6090

                                >< SfcI
GATGTAGTGG CTATTGACTA TAGACACTAT TCAGCGAGTT TCAAGAAAGG TGCTAAATTA CTGCATAAGC
    6100          6110          6120          6130          6140          6150          6160

    >< Tru9I
    >< ScrFI
    >< MvaI
    >< MseI
    >< EcoRII
    >< Ecl136I
    >< DsaV
    >< BstOI
    >< BstNI
    >< BsiLI
    >< MunI
    >< BstXI
    >< ApyI
    >< MaeII
    >< BstXI
    >< DraIII
    >< MaeII ><
    >< BbsI
CAATTGTTTG GCACATTAAC CAGGCTACAA CCAAGACAAC GTTCAAACCA AACACTTGGT GTTTACGTTG
    6170          6180          6190          6200          6210          6220          6230

    > < RsaI
    >< Csp6I
    > < AfaI >< BsrI
TCTTTGGAGT ACAAAGCCAG TAGATACTTC AAATTCATTT GAAGTTCTGG CAGTAGAAGA CACACAAGGA
    6240          6250          6260          6270          6280          6290          6300

                                >< HindII
                                >< HincII
                                >< MnlI
                                >< MboII
                                >< Eco57I
ATGGACAATC TTGCTTGTGA AAGTCAACAA CCCACCTCTG AAGAAGTAGT GGAAAATCCT ACCATACAGA
    6310          6320          6330          6340          6350          6360          6370

```

FIGURE 13.15

29/83

```

>< MaeIII
>< MaeII
AGGAAGTCAT AGAGTGTGAC GTGAAACTA CCGAAGTTGT AGGCAATGTC ATACTTAAAC CATCAGATGA
6380      6390      6400      6410      6420      6430      6440

>< XhoII
>< Sau3AI
>< NlaIII
>< NdeII
>< MflI
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< BstYI
>< BspAI
>< Tru9I
>< MseI
>< BspHI >< Bsp143I>< Fnu4HI
>< MaeIII >< MnlI >< BbvI >< AlwI
AGGTGTTAAA GTAACACAAG AGTTAGGTCA TGAGGATCTT ATGGCTGCTT ATGTGGAAAA CACAAGCATT
6450      6460      6470      6480      6490      6500      6510

>< SauI
>< RmaI
>< MstII
>< MaeI
>< Eco81I
>< DdeI
>< CvnI
>< Bsu36I
>< Bse21I
>< BfrI> < Tru9I
>< AxyI> < MseI>< MunI >< NlaIII
>< AocI >< DraI >< BbvI Fnu4HI ><
ACCATTAAGA AACCTAATGA GCTTTCAC TA GCCTTAGGTT TAAAAACAAT TGCCACTCAT GGTATTGCTG
6520      6530      6540      6550      6560      6570      6580

>< VspI >< StyI
>< Tru9I >< EcoT14I
>< MseI >< Eco130I
>< AsnI >< BssT1I
>< AseI >< BsaJI
>< BfrI >< Fnu4HI
CAATTAATAG TGTTCCTTGG AGTAAAATTT TGGCTTATGT CAAACCATTG TTAGGACAAG CAGCAATTAC
6590      6600      6610      6620      6630      6640      6650

>< HinP1I
>< Hin6I
>< HhaI
>< DdeI
>< BbvI
>< CfoI
>< Tru9I
>< MaeII>< MseI
>< DraIII
>< AflIII
AACATCAAAT TGC GCTAAGA GATTAGCACA ACGTGTGTTT AACAATTATA TGCCTTATGT GTTTACATTA
6660      6670      6680      6690      6700      6710      6720

>< RsaI >< RsaI>< XbaI
>< Csp6I >< Csp6I >< RmaI
>< MunI >< AfaI >< AfaI >< MaeI >< AluI
TTGTTCCAAT TGTGTACTTT TACTAAAAGT ACCAATTCTA GAATTAGAGC TTCACTACCT ACAACTATTG
6730      6740      6750      6760      6770      6780      6790

>< VspI
>< Tru9I
>< NaeI
>< MspI
>< MseI

```

30/83

```

                                >> HpaII
                                >> HapII
                                >> Cfr10I >> FokI
                                >> AsnI
                                >> AseI>> HphI>> MaeIII
                                >> Tru9I
                                >> MseI
                                >> SfaNI
CTAAAAATAG TGTTAAGAGT GTTGCTAAAT TATGTTTGGG TGCCGGCATT AATTATGTGA AGTCACCCAA
6800        6810        6820        6830        6840        6850        6860

                                >> Tru9I    >> DdeI    MaeIII >
                                >> MseI    >> BfrI    >> BbvI
ATTTTCTAAA TTGTTACAAA TCGCTATGTG GCTATTGTTG TTAAGTATTT GCTTAGGTTT TCTAATCTGT
6870        6880        6890        6900        6910        6920        6930

                                >> SduI
                                >> NspII
                                >> HgiAI
                                >> Bsp1286I
                                >> BmyI
                                >> Alw21I
                                > < RsaI
                                >> Csp6I
                                >> Fnu4HI    > < AfaI
GTAAGTCTG CTTTGGTGT ACTCTTATCT AATTTTGGTG CTCCTTCTTA TTGTAATGGC GTTAGAGAAT
6940        6950        6960        6970        6980        6990        7000

                                Tru9I >>
                                MseI >>
                                >> Fnu4HI
                                >> MseI    > < MaeIII
                                >> MseI    >> MaeII
                                >> BbvI >
TGTATCTTAA TTCGTCTAAC GTTACTACTA TGGATTTCTG TGAAGGTTCT TTTCCTTGCA GCATTTGTTT
7010        7020        7030        7040        7050        7060        7070

                                > < TfiI
                                >> MamI
                                >> HinfI
                                >> BsiBI
                                >> XmnI>> MaeIII
                                >> PleI>> HinfI    >> BsaBI >> AluI    >> Asp700I
                                >> BsaBI >> AluI    >> Asp700I
AAGTGGATTA GACTCCCTTG ATTCTTATCC AGCTCTTGAA ACCATTCAGG TGACGATTTT ATCGTACAAG
7080        7090        7100        7110        7120        7130        7140

                                >> Pali
                                >> NspBII
                                >> HaeIII
                                >> GdiII
                                >> Fnu4HI
                                >> EaeI
                                >> DdeI
                                >> BsuRI
                                >> RmaI
                                >> BshI >> BslI
                                >> MaeI
                                >> Acil>> BsiYI
CTAGACTTGA CAATTTTAGG TCTGGCCGCT GAGTGGGTTT TGGCATATAT GTTGTTTACA AAATTCCTTT
7150        7160        7170        7180        7190        7200        7210

                                >> BspMI
                                >> AluI
                                >> RmaI
                                >> MaeI
ATTTATTAGG TCTTTCAGCT ATAATGCAGG TGTTCTTTGG CTATTTTGCT AGTCATTTC TCAAGCAATTC
7220        7230        7240        7250        7260        7270        7280

                                RsaI >>
                                >> MboII
                                >> NlaIV
                                >> Eco64I
                                > < RsaI >> BscBI
                                >> Csp6I >> BanI
                                > < AfaI>> AccBII
                                > < NlaIII
                                >> RmaI >>
                                >> BsiBI >>
                                >> BsaBI >>
                                >> AfaI >>

```

FIGURE 13.17

31/83

```

TTGGCTCATG TGGTTTATCA TTAGTATTGT ACAAATGGCA CCCGTTTCTG CAATGGTTAG GATGTACATC
  7290          7300          7310          7320          7330          7340          7350

                                TthHB8I >>
                                >> TaqI
                                MnlI >>
                                Ksp632I >>
                                >> FokI
                                >> MboII EarI >>
                                >> Eam1104I >> AluI >> MboII >> NlaIII Eam1104I >>
>> FokI
TTCTTTGCTT CTTTCTACTA CATATGGAAG AGCTATGTTT ATATCATGGA TGGTTGCACC TCTTCGACTT
  7360          7370          7380          7390          7400          7410          7420

                                XhoII >>
                                Sau3AI >>
                                NlaIII >>
                                NdeII >>
                                MflI >>
                                MboI >>
                                >> Thai
                                >> MvnI
                                >> Ksp632I
                                >> EarI
                                >> Eam1104I
                                DpnII >>
                                BstYI >>
                                >> NlaIII
                                >> CfoI
                                >> Bsp50I >> RsaI
                                >> AflIII >> Csp6I
                                >> BspWI >> BspWI
                                >> AccII >> AfaI
                                >> Tru9I BspAI >>
                                >> MseI BglII >>
GCATGATGTG CTATAAGCGC AATCGTGCCA CACGCGTTGA GTGTACAAC ATTGTTAATG GCATGAAGAG
  7430          7440          7450          7460          7470          7480          7490

                                >> Pali
                                >> HaeIII
                                >> DsaI
                                >> BsuRI
                                >> MboII
                                >> DpnI
                                >> Bsp143I
                                >> MnlI
                                >> BsaJI
                                >> PleI >> HinfI
                                >> MunI
                                >> BsmAI >>
                                >> Alw26I >>
ATCTTTCTAT GTCTATGCAA ATGGAGGCCG TGGCTTCTGC AAGACTCACA ATTGGAATTG TCTCAATTGT
  7500          7510          7520          7530          7540          7550          7560

                                >> RsaI
                                >> Csp6I
                                >> BsrI
                                >> AfaI
                                >> GsuI
                                >> BpmI
                                >> Tru9I >>
                                >> MseI >>
                                >> MaeIIIDraI >>
                                >> BsrI
GACACATTTT GCACTGGTAG TACATTCATT AGTGATGAAG TTGCTCGTGA TTTGTCACTC CAGTTTAAAA
  7570          7580          7590          7600          7610          7620          7630

                                >> Thai
                                >> MvnI
                                >> HphI
                                >> HinPII >>
                                >> HinPII
                                >> Hin6I
                                >> Hin6I
                                >> HhaI >>
                                >> HhaI
                                >> CfoI >>
                                >> CfoI
                                >> BstUI
                                >> BssHII
                                >> Bsp50I >>
                                >> BsrI
                                >> AccII
GACCAATCAA CCCTACTGAC CAGTCATCGT ATATTGTTGA TAGTGTTGCT GTGAAAATG GCGCGCTTCA
  7640          7650          7660          7670          7680          7690          7700

```

32/83

```

                                >< FokI
                                >< BsmAI
                                >< Alw26I    >< AciI
    >< MnlI
CCTCTACTTT GACAAGGCTG GTCAAAAGAC CTATGAGAGA CATCCGCTCT CCCATTTTGT CAATTTAGAC
    7710      7720      7730      7740      7750      7760      7770

                                >< VspI
                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< AsnI
                                >< AseI
    > < AluI
AATTTGAGAG CTAACAACAC TAAAGGTTCA CTGCCTATTA ATGTCATAGT TTTTGATGGC AAGTCCAAAT
    7780      7790      7800      7810      7820      7830      7840

                                >< SfcI    >< PvuII
                                >< RsaI    >< Psp5I
                                >< Csp6I    >< NspBII
    >< PleI
    >< HinfI    >< DdeI    >< BcgI    >< AfaI    >< AluI
GCGACGAGTC TGCTTCTAAG TCTGCTTCTG TGTACTACAG TCAGCTGATG TGCCAACCTA TTCTGTTGCT
    7850      7860      7870      7880      7890      7900      7910

                                TthHB8I ><
                                TaqI ><
                                SalI ><
                                RtrI ><
                                HindII >
                                HincII >
                                >< ScaI
                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< AfaI
                                >< Tru9I
                                >< SfaNI >< Eco57I
                                >< MseI
    >< AluI
    >< MaeII
TGACCAAGCT CTTGTATCAG ACGTTGGAGA TAGTACTGAA GTTTCCGTTA AGATGTTTGA TGCTTATGTC
    7920      7930      7940      7950      7960      7970      7980

                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                > < Esp4I
                                > < AflII
                                >< SfcI
                                >< BspWI >< AluI
GACACCTTTT CAGCAACTTT TAGTGTTCCCT ATGGAAAAAC TTAAGGCACT TGTTGCTACA GCTCACAGCG
    7990      8000      8010      8020      8030      8040      8050

                                >< PvuII
                                >< Psp5I
                                >< NspBII
                                >< Fnu4HI
                                >< AluI
    >< AluI
    >< BbvI
AGTTAGCAAA GGGTGTAGCT TTAGATGGTG TCCTTTCTAC ATTCGTGTCA GCTGCCCGAC AAGGTGTTGT
    8060      8070      8080      8090      8100      8110      8120

                                MaeIII ><
                                >< HindII
                                >< HincII
                                >< BsmAI
                                >< DdeI
                                >< BfrI
    >< FokI>< Alw26I
TGATACCGAT GTTGACACAA AGGATGTTAT TGAATGTCTC AAACCTTTCAC ATCACTCTGA CTTAGAAGTG
    8130      8140      8150      8160      8170      8180      8190

                                >< XhoII
                                Sau3AI ><
                                >< NdeII
                                >< MflI
                                >< MboI
    >< NlaIII >< HgaI
    >< HinfI >< DpnII
                                DpnI ><

```

FIGURE 13.19

33/83

```

                                Bsp143I ><
                                >< BsaHI >< BstYI
                                >< BbiIII >< BspAI
                                >< AcyI >< BglIII
                                >< MaeIII>< HphI
                                >< HphI >< NlaIII
ACAGGTGACA GTTGTAAACA TTTCATGCTC ACCTATAATA AGGTTGAAAA CATGACGCCC AGAGATCTTG
      8200      8210      8220      8230      8240      8250      8260

    >< NspI
    >< NspHI
    >< NlaIII
>< HinPII
>< Hin6I
    >< HhaI
    >< CfoI
                                >< BspWI >< MaeIII
GCGCATGTAT TGA CTGTAAT GCAAGGCATA TCAATGCCCC AGTAGCAAAA AGTCACAATG TTTCACATCAT
      8270      8280      8290      8300      8310      8320      8330

                                >< NspI
                                >< NspHI
                                >< NlaIII
                                >< PvuII
                                >< Psp5I
                                >< NspBII
                                >< Fnu4HI
                                >< BbvI
                                >< AflIII
                                >< AluI >< BbvI >< Fnu4HI
CTGGAATGTA AAAGACTACA TGTCTTTATC TGAACAGCTG CGTAAACAAA TTCGTAGTGC TGCCAAGAAG
      8340      8350      8360      8370      8380      8390      8400

                                >< RmaI
                                >< MaeI >< Eam1105I
                                >< MboII
AACACATAC CTTTTAGACT AACTTGTGCT ACAACTAGAC AGGTTGTCAA TGTCATAACT ACTAAAATCT
      8410      8420      8430      8440      8450      8460      8470

                                >< Tru9I
                                >< Pali
                                >< MseI
                                >< HaeIII
                                >< ScaI
                                >< Esp4I
                                >< RsaI >< Tru9I >< BsuRI
                                >< Csp6I >< MseI >< BshI
                                >< AfaI >< DraI >< AflII >< BbvI
CACTCAAGGG TGGTAAGATT GTTAGTACTT GTTTTAACT TATGCTTAAG GCCACATTAT TGTGCGTTCT
      8480      8490      8500      8510      8520      8530      8540

                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< BsrI
                                >< NlaIII
                                >< Fnu4HI
                                >< AfaI
                                >< MaeIII
TGCTGCATTG GTTTGTTATA TCGTTATGCC AGTACATACA TTGTCAATCC ATGATGGTTA CACAAATGAA
      8550      8560      8570      8580      8590      8600      8610

                                >< MaeIII
                                >< MaeIII
                                >< FokI
ATCATTGGTT ACAAAGCCAT TCAGGATGGT GTCACGCTG ACATCATTTT TACTGATGAT TGTTTTGCAA
      8620      8630      8640      8650      8660      8670      8680

                                >< NspI
                                >< NspHI
                                >< NlaIII
                                >< HgaI
                                >< BstXI
                                >< BbvI
                                >< AluI
                                >< SfcI >
                                >< Fnu4HI ><
                                >< BbvI ><
ATAAACATGC TGGTTTTGAC GCATGGTTTA GCCAGCGTGG TGGTTCATAC AAAAATGACA AAAGCTGCCC
      8690      8700      8710      8720      8730      8740      8750

```

FIGURE 13. 20

```

                                >< ScrFI
                                >< ScrFI >< RsaI
                                >< MvaI >< MspI
                                >< EcoRII >< HpaII
                                >< Ecl136I>< NciI
                                >< DsaV >< HapII
                                >< BstOI>< DsaV
                                >< BstNI >< Csp6I
                                >< BsiLI >< BcnIDdeI ><
                                >< ApyI >< AfaI
                                >< Fnu4HI
                                >< AluI
TGTAGTAGCT GCTATCATT CAAGAGAGAT TGGTTTCATA GTGCCTGGCT TACCGGGTAC TGTGCTGAGA
8760 8770 8780 8790 8800 8810 8820

> < MaeIII >< HphI >< MnlI >< BspWI
GCAATCAATG GTGACTTCTT GCATTTTCTA CCTCGTGTTC TTAGTGCTGT TGGCAACATT TGCTACACAC
8830 8840 8850 8860 8870 8880 8890

                                Tru9I >
                                SfaNI ><
                                >< RsaI
                                MseI >
                                >< BspWI >< Fnu4HI >< Csp6I
                                >< BbvI>< MnlI >< DdeI >< AfaI
CTTCCAACT CATTGAGTAT AGTGATTTTG CTACCTCTGC TTGCGTTCCT GCTGCTGAGT GTACAATTTT
8900 8910 8920 8930 8940 8950 8960

                                > < RmaI
                                >< MnlI
                                > < MaeI
TAAGGATGCT ATGGGCAAAC CTGTGCCATA TTGTTATGAC ACTAATTTGC TAGAGGGTTC TATTTCTTAT
8970 8980 8990 9000 9010 9020 9030

                                ScrFI >
                                MvaI >
                                MnlI ><
                                EcoRII ><
                                Ecl136I >
                                DsaV ><
                                BstOI >
                                BstNI >
                                BsiLI >
                                ApyI >
                                >< AluI
                                >< BscBI
AGTGAGCTTC GTCCAGACAC TCGTTATGTG CTTATGGATG GTTCCATCAT ACAGTTTCCT AACACTTACC
9040 9050 9060 9070 9080 9090 9100

                                >< RsaI
                                >< SfcI >< NspI
                                >< ScaI >< NspHI
                                >< RsaI >< NlaIII
                                >< SfaNI
                                > < MaeIII >< Csp6I >< NlaIII
                                >< GsuI >< AfaI >< Csp6I
                                >< BpmI >< DdeI >< AccI >< AfaI
TGGAGGGTTC TGTTAGAGTA GTAACAACTT TTGATGCTGA GTACTGTAGA CATGGTACAT GCGAAAGGTC
9110 9120 9130 9140 9150 9160 9170

                                >< SstI
                                >< SduI
                                >< SacI
                                NspII ><
                                HgiAI ><
                                Eco24I ><
                                Bsp1286I ><

```

FIGURE 13.21

35/83

```

                                Ecl136II >>> BmyI
                                BanII >>
                                Alw21I >>
                                >> Tru9I
                                >> MseI
                                >> AluI
AGAAGTAGGT ATTTGCCTAT CTACCAGTGG TAGATGGGTT CTTAATAATG AGCATTACAG AGCTCTATCA
  9180      9190      9200      9210      9220      9230      9240

                                >> TfiI
                                >> HinfI >> AluI
                                >> MnlI
GGAGTTTTCT GTGGTGTGA TCGGATGAAT CTCATAGCTA ACATCTTTAC TCCTCTTGTG CAACCTGTGG
  9250      9260      9270      9280      9290      9300      9310

                                >> MaeIII
                                HphI >>
                                > < BbvI Fnu4HI ><
GTGCTTTAGA TGTGTCTGCT TCAGTAGTGG CTGGTGGTAT TATTGCCATA TTGGTGACTT GTGCTGCCTA
  9320      9330      9340      9350      9360      9370      9380

                                >> RsaI
                                >> Csp6I >> NlaIII
                                >> MaeII >> BbvI >> Fnu4HI
                                >> AflIII >> AfaI >> HphI >> BspWI
CTACTTTATG AAATTCAGAC GTGTTTTTGG TGAGTACAAC CATGTTGTTG CTGCTAATGC ACTTTTGTGT
  9390      9400      9410      9420      9430      9440      9450

                                >> RsaI
                                >> NlaIV
                                >> KpnI
                                >> Eco64I >> ScrFI
                                >> Csp6I >> NciI
                                >> BscBI >> MspI
                                >> Asp718 >> HpaII
                                >> BanI >> AluI >> HinfI
                                >> AfaI >> HapII >> PleI
                                >> AccBII >> BcnI >> DdeI
                                >> Acc65I >> AluI >> DsaV >> AccI
TTGATGTCTT TCACTATACT CTGTCTGGTA CCAGCTTACA GCTTTCTGCC GGGAGTCTAC TCAGTCTTTT
  9460      9470      9480      9490      9500      9510      9520

                                >> RsaI
                                >> Csp6I
                                >> AfaI >> HphI
                                >> HphI
                                NlaIII >>
ACTTGACTTT GACATTCTAT TTCACCAATG ATGTTTCATT CTTGGCTCAC CTTCAATGGT TTGCCATGTT
  9530      9540      9550      9560      9570      9580      9590

TTCTCCTATT GTGCCTTTTT GGATAACAGC AATCTATGTA TTCTGTATTT CTCTGAAGCA CTGCCATTGG
  9600      9610      9620      9630      9640      9650      9660

                                >> TthHB8I
                                >> RsaI
                                >> MnlI
                                >> MnlI
                                >> Csp6I
                                >> Tru9I
                                >> PleI
                                >> BcgI/a >> TaqI
                                >> MseI >> DdeI
                                >> Eco57I >> BfrI >> HinfI >> MseI >> MaeIII >> AfaI Fnu4HI ><
TTCTTTAACA ACTATCTTAG GAAAAGAGTC ATGTTTAATG GAGTTACATT TAGTACCTTC GAGGAGGCTG
  9670      9680      9690      9700      9710      9720      9730

                                >> RsaI
                                >> Csp6I
                                >> BcgI
                                >> RsaI
                                >> Csp6I >> BsmAI

```

FIGURE 13.22

```

>< AfaI          >< AfaI          >< Alw26I
CTTTGTGTAC CTTTTTGCTC AACAAGGAAA TGTACCTAAA ATTGCGTAGC GAGACACTGT TGCCACTTAC
9740          9750          9760          9770          9780          9790          9800

                                >< NlaIV
                                >< DdeI
                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< AfaI
                                >< BscBI
                                >< BfrI   AluI ><
ACAGTATAAC AGGTATCTTG CTCTATATAA CAAGTACAAG TATTTTCAGTG GAGCCTTAGA TACTACCAGC
9810          9820          9830          9840          9850          9860          9870

                                >< Fnu4HI
                                >< DdeI
                                >< BfrI
                                >< Fnu4HI
                                >< BbvI
                                >< BbvI   >< DdeI >< AlwNI
TATCGTGAAG CAGCTTGCTG CCACTTAGCA AAGGCTCTAA ATGACTTTAG CAACTCAGGT GCTGATGTTC
9880          9890          9900          9910          9920          9930          9940

                                >< SfcI
                                >< PstI
                                >< BscCI
                                >< BsmI
TCTACCAACC ACCACAGACA TCAATCACTT CTGCTGTTCT GCAGAGTGGT TTTAGGAAAA TGGCATTCCC
9950          9960          9970          9980          9990          10000          10010

                                >< RsaI
                                >< NlaIII
                                >< MaeIII
                                >< Csp6I
                                >< AfaI
                                >< Tru9I
                                >< MseI
GTCAGGCAAA GTTGAAGGGT GCATGGTACA AGTAACCTGT GGAACACAA CTCTTAATGG ATTGTGGTTG
10020          10030          10040          10050          10060          10070          10080

                                XhoII ><
                                Sau3AI ><
                                >< Tru9I   NdeII ><
                                >< NspI     MflI ><
                                >< NspHI    MboI ><
                                >< NlaIII   DpnII ><
                                >< MseI     BstYI ><
                                >< MboII   BspAI ><
                                > < BbsI    BglII ><
GATGACACAG TATACTGTCC AAGACATGTC ATTTGCACAG CAGAAGACAT GCTTAATCCT AACTATGAAG
10090          10100          10110          10120          10130          10140          10150

                                PalI >
                                MscI >
                                HaeIII >
                                EaeI ><
                                BsuRI >
                                BshI >
                                BalI >
>< DpnI >< MboII
>< Bsp143I
                                >< AluI
ATCTGCTCAT TCGCAAATCC AACCATAGCT TTCTTGTTCA GGCTGGCAAT GTTCAACTTC GTGTTATTGG
10160          10170          10180          10190          10200          10210          10220

                                >< DdeI> < Tru9I
                                >< BfrI> < MseI
                                >< DdeI
CGATTCTATG CAAAATTGTC TGCTTAGGCT TAAAGTTGAT ACTTCTAACC CTAAGACACC CAAGTATAAA
10230          10240          10250          10260          10270          10280          10290

                                >< ScrFI
                                >< MvaI
                                >< EcoRII
                                >< Ecl136I
                                >< SphI

```

FIGURE 13.23

37/83

```

      >< DsaV
      >< BstOI
      >< BstNI
      >< BsiII
      >< ApyI
      >< PaeI
      >< NspI
      >< NspHI
      >< RmaI >< NlaIII
      >< MaeI >< HphI
TTGTGTCGTA TCCAACCTGG TCAAACATTT TCAGTTCTAG CATGCTACAA TGGTTCACCA TCTGGTGT TT
10300      10310      10320      10330      10340      10350      10360

      >< Sau3AI
      >< NdeII
      >< MboI>< NlaIII
      >< DpnII
      >< Eco3II
      >< BsmAI
      >< BsaI>< NlaIII
      >< Alw26I
      >< Tru9I
      >< MseI
      >< Tru9I>< DpnI
      >< MseI >< Bsp143I
      >< BspAI>< AlwI
ATCAGTGTGC CATGAGACCT AATCATACCA TTAAAGGTTT TTCCTTAAT GGATCATGTG GTAGTGTGTTG
10370      10380      10390      10400      10410      10420      10430

      >< Zsp2I
      >< Ppu10I
      >< NsiI>< SfaNI
      >< NdeI
      >< Mph1103I
      >< EcoT22I
      >< Tru9I
      >< MseI
      >< AvaIII >< AluI
      >< RsaI >< Csp6I >< AfaI ><
TTTTAACATT GATTATGATT GCGTGTCTTT CTGCTATATG CATCATATGG AGCTTCCAAC AGGAGTACAC
10440      10450      10460      10470      10480      10490      10500

      >< SinI
      >< Sau96I
      >< NspIV
      >< NspHII
      >< Eco47I
      >< Cfr13I
      >< BsiZI
      >< Bme18I >< HindII
      >< AvaII >< HincII
      >< AsuI>< BsgI >< BbvI >< BspMI
      >< RsaI
      >< Csp6I>< DdeI
      >< AfaI>< BfrI
      >< SfcI
      >< RsaI >< PstI >< Fnu4HI
      >< Csp6I >< BspWI
      >< AfaI ><
GCTGGTACTG ACTTAGAAGG TAAATTCTAT GGTCCATTG TTGACAGACA AACTGCACAG GCTGCAGGTA
10510      10520      10530      10540      10550      10560      10570

      >< Tru9I
      >< MseI
      >< BbvI
      >< Fnu4HI
      >< HphI ><
CAGACACAAC CATAACATTA AATGTTTTGG CATGGCTGTA TGCTGCTGTT ATCAATGGTG ATAGGTGGTT
10580      10590      10600      10610      10620      10630      10640

      >< Tru9I
      >< TfiI
      >< MseI
      >< HphI
      >< RinfI
      >< Tru9I
      >< MseI
      >< RsaI
      >< Csp6I
      >< AfaI
TCTTAATAGA TTCACCACTA CTTTGAATGA CTTTAACCTT GTGGCAATGA AGTACAATA TGAACCTTTG
10650      10660      10670      10680      10690      10700      10710

      >< SinI
      >< Sau96I
      >< PssI
      >< Psp5II
      >< PpuMI
      >< NspIV
      >< NspHII
      >< NlaIV

```

```

                                >< EcoO109I
                                >< Eco47I
>< Sau3AI                      >< DraII
>< NdeII                       >< Cfr13I
>< MboI                        >< Bsi2I
>< DpnII>< NlaIII             >< BscBI
    >< DpnI >< HindII          >< Bme18I
>< BspAI >< HincII            >< AvaII
    >< Bsp143I                >< AsuI
                                >< MnlI
ACACAAGATC ATGTTGACAT ATTGGGACCT CTTTCTGCTC AAACAGGAAT TGCCGTCTTA GATATGTGTG
10720      10730      10740      10750      10760      10770      10780

                                >< StyI
                                >< RsaI
                                    >< EcoT14I
                                    >< Eco130I
                                >< SfcI
                                >< Fnu4HI
>< Fnu4HI                      >< Csp6I
    >< BbvI                    >< BssT1I
    >< Fnu4HI                  >< BsaJI
>< BbvI                        >< AluI >< PstI
CTGCTTTGAA AGAGCTGCTG CAGAATGGTA TGAATGGTCG TACTATCCTT GGTAGCACTA TTTTAGAAGA
10790      10800      10810      10820      10830      10840      10850

                                >< StyI
                                >< EcoT14I
                                >< Eco130I
                                >< BssT1I
                                >< BsaJI
    >< MboII
                                >< MaeIII>< BsaJI
TGAGTTTACA CCATTGATG TTGTTAGACA ATGCTCTGGT GTTACCTTCC AAGGTAAGTT CAAGAAAATT
10860      10870      10880      10890      10900      10910      10920

    >< SfaNI
    >< SduI
    >< NspII
>< Tru9I> < Bsp1286I          >< Tru9I
>< MseI >< BmyI                >< MseI
GTTAAGGGCA CTCATCATTG GATGCTTTTA ACTTTCTTGA CATCACTATT GATTCTTGTT CAAAGTACAC
10930      10940      10950      10960      10970      10980      10990

                                >< XmnI
                                >< BsmI
                                >< BscCI
                                >< Asp700I
    >< MaeIII
AGTGGTCACT GTTTTCTTTT GTTTACGAGA ATGCTTTCTT GCCATTTACT CTGTTGTTATTA TGGCAATTGC
11000      11010      11020      11030      11040      11050      11060

    >< NspI
    >< NspHI
    >< NlaIII
    >< BspWI >< Fnu4HI>< BspWI >< BscCI
TGCATGTGCT ATGCTGCTTG TTAAGCATAA GCACGCATTC TTGTGCTTGT TTCTGTTACC TTCTCTTGCA
11070      11080      11090      11100      11110      11120      11130

                                >< SfaNI
                                >< RmaI
    >< NspI
    >< NlaIII
                                >< NheI
                                >< MaeI
    >< BspWI >< MseI          >< NspHI>< AluI
    >< Tru9I
    >< AccI> < NspHI>< AluI
ACAGTTGCTT ACTTTAATAT GGTCTACATG CCTGCTAGCT GGGTGATGCG TATCATGACA TGGCTTGAAT
11140      11150      11160      11170      11180      11190      11200

```

FIGURE 13.25


```

                >< DrdI  >< Alw26I                                >< ApyI      DdeI ><
GTGTTTATGA CTACTTGGTC TCTACACAAG AATTTAGGTA TATGAACTCC CAGGGGCTTT TGCCTCCTAA
    11630         11640         11650         11660         11670         11680         11690

                >< Tru9I
                >< MseI
>< SfaNI                > < HindIII> < Tru9I
    >< MnlI                >< AluI > < MseI > < MnlI                > < NlaIII
GAGTAGTATT GATGCTTTCA AGCTTAACAT TAAGTTGTTG GGTATTGGAG GTAAACCATG TATCAAGGTT
    11700         11710         11720         11730         11740         11750         11760

                >< VneI
                >< SnaI
                    >< SduI
                    >< NspII
                    >< HgiAI
                    >< Bsp1286I
                    >< BmyI      >< RsaI
                >< RsaI                >< ApaLI                >< MboII
                >< Csp6I                >< Alw44I      >< Csp6I                DdeI >
                >< AfaI                >< MaeII      >< Alw21I >< AfaI                BfrI >
GCTACTGTAC AGTCTAAAT GTCTGACGTA AAGTGCACAT CTGTGGTACT GCTCTCGGTT CTTCAACAAC
    11770         11780         11790         11800         11810         11820         11830

                >< NspII> < RsaI
                >< DraIII
                >< SduI>< Csp6I
                >< Bsp1286I
                >< BmyI > < AfaI      >< MboII
                >< HinfI >< P1eI                >< BmyI > < AfaI      >< MboII
TTAGAGTAGA GTCATCTTCT AAATTGTGGG CACAATGTGT ACAACTCCAC AATGATATTC TTCTTGCAAA
    11840         11850         11860         11870         11880         11890         11900

                >< TthHB8I
                >< TaqI
                    >< HindIII
                    >< AluI                >< MboII                >< NlaIII
                    >< Eco57I                >< BspWI AccI ><
AGACACAAC TGAAGCTTTTCG AGAAGATGGT TTCTCTTTTG TCTGTTTTGC TATCCATGCA GGGTGCTGTA
    11910         11920         11930         11940         11950         11960         11970

                >< VspI
                >< Tru9I                > < Ksp632I
                >< MseI                >< TthHB8I                > < EarI
                >< AsnI                >< TaqI >< MboII                > < Eam1104I
                >< AseI>< MnlI >< BcgI/a      >< Eco57I      >< Eco57I >< BcgI
GACATTAATA GGTGTGCGA GGAAATGCTC GATAACCGTG CTACTCTTCA GGCTATTGCT TCAGAATTTA
    11980         11990         12000         12010         12020         12030         12040

                >< StuI
                >< ScrFI
                    >< P1eI
                    >< MvaI>< HaeIII
                >< EcoRII>< Eco147I
                >< Ecl136I
                >< DsaV >< BsuRI
                >< BstOI
                >< BstNI
                >< BspWI
                >< BsiLI
                >< Fnu4HI                >< BsaJI >< BshI                Tfil ><
                >< NdeI      >< BspWI>< MnlI >< BglI                >< SfcI HinfI ><
                >< AciI                >< ApyI>< AatI                > < AluI

```

FIGURE 13. 27

41/83

```

GTTCTTTACC ATCATATGCC GCTTATGCCA CTGCCCAGGA GGCCTATGAG CAGGCTGTAG CTAATGGTGA
12050      12060      12070      12080      12090      12100      12110

>< XmnI          >< Tru9I          >< SfaNI
>< HphI          >< MseI          >< DdeI
>< Asp700I       >< Eco57I       >< BbvI Fnu4HI ><
TTCTGAAGTC GTTCTCAAAA AGTTAAAGAA ATCTTTGAAT GTGGCTAAAT CTGAGTTTGA CCGTGATGCT
12120      12130      12140      12150      12160      12170      12180

XhoII ><
Sau3AI ><
NdeII ><
MnII >
>< MnII
>< MflI
>< MboI
DpnII ><
DpnI ><
DdeI ><
BstYI ><
>< BspWI
>< BspAI
>< Bsp143I
>< Bsp143I
>< AfaIBglII ><
>< NlaIII
GCCATGCAAC GCAAGTTGGA AAAGATGGCA GATCAGGCTA TGACCCAAAT GTACAAACAG GCAAGATCTG
12190      12200      12210      12220      12230      12240      12250

>< SpeI
>< RmaI
>< MaeIII
>< MaeI
AGGACAAGAG GGCAAAAGTA ACTAGTGCTA TGCAACAAT GCTCTTCACT ATGCTTAGGA AGCTTGATAA
12260      12270      12280      12290      12300      12310      12320

>< Ksp632I >< HindIII
>< DdeI >< SfaNI
>< Eam1104I >< BspWI
>< EarI>< BfrI >< AluI
>< ThaI
>< MvnI
>< HinPII
>< Hin6I
>< HhaI
>< CfoI
>< BstUI
>< Bsp50I
>< AccII
>< Tru9I
>< MseI
TGATGCACTT AACAACATTA TCAACAATGC GCGTGATGGT TGTGTTCCAC TCAACATCAT ACCATTGACT
12330      12340      12350      12360      12370      12380      12390

>< RsaI
>< NlaIV
>< Eco64I
>< Csp6I
>< BslI
>< BsiYI>< KpnI
>< BscBI
>< BanI
>< Asp718
>< AfaI
>< AccB1I
>< Acc65I
>< NlaIII
>< BstXI
>< Fnu4HI >< BbvI
ACAGCAGCCA AACTCATGGT TGTTGTCCCT GATTATGGTA CCTACAAGAA CACTTGTGAT GGTAACACCT
12400      12410      12420      12430      12440      12450      12460

>< Zsp2I
>< Ppu10I

```

```

    >< NsiI
    >< Mph1103I
    >< NdeI>< EcoT22I
    >< AvaIII >< SfaNI
    >< SfaNI
    >< AciI
    DdeI ><
    BfrI ><
    TTACATATGC ATCTGCACTC TGGGAAATCC AGCAAGTTGT TGATGCGGAT AGCAAGATTG TTCAACTTAG
    12470      12480      12490      12500      12510      12520      12530

    >< PalI
    >< HaeIII >< MnlI >< DdeIDdeI ><
    >< BsuRI >< MaeIII >< BspWI
    >< Tru9I>< NlaIII
    >< MseI>< HphI >< XcmI>< BshI >< AluI BspWI ><
    TGAAATTAAC ATGGACAATT CACCAAATTT GGCTTGGCCT CTTATTGTTA CAGCTCTAAG AGCCAACTCA
    12540      12550      12560      12570      12580      12590      12600

    RsaI ><
    NlaIV ><
    KpnI ><
    >< Fnu4HI
    Eco64I ><
    Csp6I ><
    BscBI ><
    Asp718 ><
    AfaI ><
    >< AciI>< BanI
    AccB1I ><
    >< AluI >< SfcI >< DdeI>< BsrI >< PshAI Acc65I ><
    GCTGTAAAC TACAGAATAA TGAAGTGAAGT CCAGTAGCAC TACGACAGAT GTCCTGTGCG GCTGGTACCA
    12610      12620      12630      12640      12650      12660      12670

    >< TthHB8I
    >< TaqI
    >< SfuI
    >< NspV
    >< MnlI
    >< LspI
    >< Csp45I
    >< BstBI
    >< Bsp119I
    >< BsiCI
    >< Bpu14I
    >< AsuII
    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< AluI
    >< AfaI
    CACAAACAGC TTGTACTGAT GACAATGCAC TTGCCTACTA TAACAATTCTG AAGGGAGGTA GGTGTGTGCT
    12680      12690      12700      12710      12720      12730      12740

    >< XhoII
    >< Sau3AI
    >< NdeII
    >< MflI
    >< MboI
    >< DpnII
    >< DpnI
    >< BstYI
    >< BspAI
    >< Bsp143I
    >< BglII
    >< TfiI
    >< RmaI
    >< HinfI
    >< MaeI
    >< DdeI
    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< Csp6I>< RsaI
    >< AfaI>< AfaI
    GGCATTACTA TCAGACCACC AAGATCTCAA ATGGGCTAGA TTCCCTAAGA GTGATGGTAC AGGTACAATT
    12750      12760      12770      12780      12790      12800      12810

    >< Sau96I
    >< PssI
    >< PalI
    >< NspIV

```

FIGURE 13.29

43/83

```

                                >< HaeIII
                                >< EcoO109I
                                >< DraII
                                >< Cfr13I
                                >< BsuRI
                                >< Bsi2I      RsaI >
                                >< BshI      Csp6I ><
                                >< AsuI      AfaI >
TACACAGAAC TGGAACCACC TTGTAGGTTT GTTACAGACA CACCAAAAGG GCCTAAAGTG AAATACTTGT
12820      12830      12840      12850      12860      12870      12880

                                >< SfcI
                                > < MboII
                                MaeII ><
                                >< Fnu4HI >< RsaI
                                >< Eco57I >< Csp6I
                                > < BbsI
                                >< Tru9I
                                >< MseI >< MnlI
                                >< BbvI      >< AluI      >< AfaI
ACTTCATCAA AGGCTTAAAC AACCTAAATA GAGGTATGGT GCTGGGCAGT TTAGCTGCTA CAGTACGTCT
12890      12900      12910      12920      12930      12940      12950

                                >< RsaI
                                >< SfcI >< Csp6I
                                >< BspWI      >< AfaI      >< BspMI
TCAGGCTGGA AATGCTACAG AAGTACCTGC CAATTCAACT GTGCTTTCCT TCTGTGCTTT TGCAGTAGAC
12960      12970      12980      12990      13000      13010      13020

                                >< RmaI
                                >< MnlI
                                >< MaeI      >< HphI
CCTGCTAAAG CATATAAGGA TTACCTAGCA AGTGGAGGAC AACCAATCAC CAACTGTGTG AAGATGTTGT
13030      13040      13050      13060      13070      13080      13090

                                >< SinI
                                >< Sau96I
                                >< NspIV
                                >< NspHII
                                >< NlaIII
                                >< Eco47I
                                >< Eam1105I
                                >< Cfr13I
                                >< Bsi2I
                                >< Bme18I >< XcmI
                                >< AvaII      PleI ><
                                >< AfaI      >< AfaI      >< MaeIII      >< AluI      >< AsuI > < HinfI
GTACACACAC TGGTACAGGA CAGGCAATTA CTGTAACACC AGAAGCTAAC ATGGACCAAG AGTCCTTTGG
13100      13110      13120      13130      13140      13150      13160

                                >< TfiI
                                >< SfaNI
                                >< NlaIII      >< FokI
                                >< HinfI
TGGTGCTTCA TGTGTCTGT ATTGTAGATG CCACATTGAC CATCCAAATC CTAAGGATT CTGTGACTTG
13170      13180      13190      13200      13210      13220      13230

                                > < RsaI
                                >< MaeII
                                >< Csp6I
                                > < AfaI
                                >< DdeI
                                >< BfrI
AAAGGTAAGT ACGTCCAAAT ACCTACCACT TGTGCTAATG ACCCAGTGGG TTTTACACTT AGAAACACAG
13240      13250      13260      13270      13280      13290      13300

                                >< ThaI

```

```

>> SfaNI
>> MvnI
>> BstUI
>> Bsp50I
>> AciI
>> AccIISfaNI >>
>< RsaI
>< Csp6I
>< AfaI >< AciI
>< SfcI >< MaeIII
TCTGTACCGT CTGCGGAATG TGGAAAGGTT ATGGCTGTAG TTGTGACCAA CTCCGCGAAC CCTTGATGCA
13310 13320 13330 13340 13350 13360 13370

>< Zsp2I
> < SfaNI
>< Mph1103I>< Tru9I
>< Ppu10I>< MaeII
>< NsiI> < FokI
>< EcoT22I >< MseI
>< AciI>< AvaIII >< DraI
GTTCTGCGGAT GCATCAACGT TTTTAAACGG GTTTGCGGTG TAAGTGCAGC CCGTCTTACA CCGTGCGGCA
13380 13390 13400 13410 13420 13430 13440

>< SpeI
>< ScaI
>< RsaI
>< RmaI
>< MaeI
> < Csp6I
>< BspWI >< AfaI >< AccI >< BcgI/a
CAGGCACTAG TACTGATGTC GTCTACAGGG CTTTTGATAT TTACAACGAA AAAGTTGCTG GTTTTGCAAA
13450 13460 13470 13480 13490 13500 13510

>< ScrFI
>< MvaI
>< MnlI
>< EcoRII
>< Ecl136I
>< BstOI
>< BstNI
>< BslI
>< DsaV >< BsiYI
>< BsiLI
>< ApyI
>< PleI
> < FokI >< HinfI
GTTCTTAAAA ACTAATTGCT GTCGCTTCCA GGAGAAGGAT GAGGAAGGCA ATTTATTAGA CTCTTACTTT
13520 13530 13540 13550 13560 13570 13580

>< NlaIII
>< Ksp632I
>< EarI
>< Eam1104I
>< BsmAI
>< Alw26I
>< MboII
>< Tru9I
>< MseI
>< MnlI
GTAGTTAAGA GGCATACTAT GTCTAACTAC CAACATGAAG AGACTATTTA TAACCTGGTT AAAGATTGTC
13590 13600 13610 13620 13630 13640 13650

>< RsaI
>< NlaIV
> < NlaIII
>< KpnI
>< HphI
> < Eco64I
>< Csp6I
>< BscBI
> < BanI
> < Asp718

```

FIGURE 13.31

45/83

```

>< NspBII
>< AciI
CAGCGGTTGC TGTCCATGAC TTTTTCAGT TTAGAGTAGA TGGTGACATG GTACCACATA TATCACGTCA
13660 13670 13680 13690 13700 13710 13720

>< MaeIII >< AfaI
> < AccB1I MaeII ><
> < Acc65I > < HgaI

>< MnlI
>< MaeII
GCGTCTAACT AAATACACAA TGGCTGATTT AGTCTATGCT CTACGTCATT TTGATGAGGG TAATTGTGAT
13730 13740 13750 13760 13770 13780 13790

>< Tru9I
>< MseI
ACATTAAGAAG AAATACTCGT CACATACAAT TGCTGTGATG ATGATTATTT CAATAAGAAG GATTGGTATG
13800 13810 13820 13830 13840 13850 13860

>< ThaI
>< MvnI
>< MluI
>< BstUI
>< Bsp50I
>< RsaI
>< HphI
>< TfiI
>< HinfI
>< AflIII
>< AccII
>< DdeI
>< BfrI
>< Csp6I Tru9I ><
>< AfaI MseI ><
ACTTCGTAGA GAATCCTGAC ATCTTACGCG TATATGCTAA CTTAGGTGAG CGTGTACGCC AATCATTATT
13870 13880 13890 13900 13910 13920 13930

XhoII >
Sau3AI >
NdeII >
MflI >
MboI >
DpnII >
BstYI >
BspAI >
> < SfaNI
>< RsaI
>< Csp6I
>< AfaI
>< SfaNI
AAAGACTGTA CAATTCTGCG ATGCTATGCG TGATGCAGGC ATTGTAGGCG TACTGACATT AGATAATCAG
13940 13950 13960 13970 13980 13990 14000

> < ScrFI
> < MvaI
>< Fnu4HI
>< EcoRII
> < Ecl136I
> < BstOI
> < BstNI
>< Tru9I
>< MseI
>< DpnI
>< Bsp143I
>< AlwI
>< RsaI
>< Csp6I
>< BsrI
>< AfaI
>< RsaI
> < HphI
>< Csp6I
> < BbvI
>< AfaI
>< BslI
>< BsiYI
> < BsiLI
> < ApyI
>< DsaV >< AciI
GATCTTAATG GGAAGTGGTA CGATTTCCGGT GATTTTCGTAC AAGTAGCACC AGGCTGCGGA GTTCCTATTG
14010 14020 14030 14040 14050 14060 14070

>< SfaNI
> < HinfI
>< Fnu4HIpleI ><
>< DdeI
>< BspWI NdeI ><
>< TfiI
>< HinfI
>< SfaNI
>< FokI
>< MamI
>< BsiBI
>< BsaBI
>< RmaI
>< MnlI
>< MaeI
>< BbvI
TGGATTCATA TTACTCATTG CTGATGCCCCA TCCTCACTTT GACTAGGGCA TTGGCTGCTG AGTCCCATAT
14080 14090 14100 14110 14120 14130 14140

>< Sau3AI
>< NdeII

```

```

>< MboI
>< MamI
>< DpnII
>< DpnI
>< BspWI
>< BspAI
>< BspI43I
>< BsiBI
>< BsaBI >< FokI
GGATGCTGAT CTCGCAAAAC CACTTATTAA GTGGGATTGG CTGAAATATG ATTTTACGGA AGAGAGACTT
14150      14160      14170      14180      14190      14200      14210

>< XcmI
>< Tru9I
>< MseI
>< SinI
>< Sau96I
>< NspIV
>< NspHII
>< NlaIV
>< FokI
>< Eco47I
>< Cfr13I
>< BsiZI
>< SspI>< BscBI
>< BsmAI >< Tru9I >< Bme18I
>< MboII >< BsiEI> < MseI >< AvaII
>< Alw26I >< DraI >< AsuI
TGTCTCTTCG ACCGTTATTT TAAATATTGG GACCAGACAT ACCATCCCAA TTGTATTAACT TGTTCGGATG
14220      14230      14240      14250      14260      14270      14280

>< Tru9I
>< MseI
>< FokI
>< MseI
ATAGGTGTAT CCTTCATTGT GCAAACCTTA ATGTGTTATT TTCTACTGTG TTTCCACCTA CAAGTTTGG
14290      14300      14310      14320      14330      14340      14350

>< SpeI
>< RmaI
>< MaeI >< SspI
ACCACTAGTA AGAAAAATAT TTGTAGATGG TGTTCCTTTT GTTGTTCCTT CAAGGATACCA TTTTCGTGAG
14360      14370      14380      14390      14400      14410      14420

>< BsrI
>< ThaI>< Esp3I
>< DdeI
>< BstUI
>< Bsp50I >< BsmBI
>< MvnI>< BsmAI
>< HgaI>< AluI >< Alw26I
>< FokI >< AccII >< BbvI
TTAGGAGTCG TACATAATCA GGATGTAAAC TTACATAGCT CGCGTCTCAG TTTCAAGGAA CTTTTCAGTGT
14430      14440      14450      14460      14470      14480      14490

>< Zsp2I
>< SphI
>< Ppu10I
>< PaeI
>< NspI

```

FIGURE 13.33

47/83

```

>< Sau3AI      >< NspHI
>< NdeII       >< NsiI
>< MboI        >< NlaIII
>< DpnII       >< Mph1103I
>< DpnI        >< Fnu4HI
>< Fnu4HI>< BspWI >< EcoT22I
>< BspAI       >< BspWI
>< Bsp143I> < AvaIII > < AlwNI
>< AlwI        >< AluI      >< AluI      >< BbvI      >< RmaI
>< AluI        >< AluI      >< AluI      >< MaeI      >< BspWI
ATGCTGCTGA TCCAGCTATG CATGCAGCTT CTGGCAATTT ATTGCTAGAT AAACGCACTA CATGCTTTTC
14500      14510      14520      14530      14540      14550      14560

>< ScrFI
>< NciI
>< MspI
>< HpaII
>< HapII
>< Fnu4HI
>< AlwNI
>< AluI
AGTAGCTGCA CTAACAAACA ATGTTGCTTT TCAAAGTGTG AAACCCGGTA ATTTTAATAA AGACTTTTAT
14570      14580      14590      14600      14610      14620      14630

>< Tru9I
>< MseI
>< DsaV      >< Tru9I
>< BcnI      >< MseI
AGTAGCTGCA CTAACAAACA ATGTTGCTTT TCAAAGTGTG AAACCCGGTA ATTTTAATAA AGACTTTTAT
14570      14580      14590      14600      14610      14620      14630

>< Tru9I
>< MseI
>< MboII
>< DdeI ><
GACTTTGCTG TGTCTAAAGG TTTCTTTAAG GAAGGAAGTT CTGTTGAACT AAAACACTTC TTCTTTGCTC
14640      14650      14660      14670      14680      14690      14700

>< FokI
>< Fnu4HI
AGGATGGCAA CGCTGCTATC AGTGATTATG ACTATTATCG TTATAATCTG CCAACAATGT GTGATATCAG
14710      14720      14730      14740      14750      14760      14770

>< VspI
>< Tru9I
>< MseI
>< AsnI
>< AseI
>< MaeIII
ACAACTCCTA TTCGTAGTTG AAGTTGTTGA TAAATACTTT GATTGTTACG ATGGTGGCTG TATTAATGCC
14780      14790      14800      14810      14820      14830      14840

>< Tru9I
>< MseI
>< HpaI
>< HindII
>< HincII
>< PvuII
>< Psp5I
>< NspBII
>< AluI
>< XcmI
>< Tru9I
>< MseI
RmaI ><
MaeI ><
AACCAAGTAA TCGTTAACAA TCTGGATAAA TCAGCTGGTT TCCCATTAA TAAATGGGGT AAGGCTAGAC
14850      14860      14870      14880      14890      14900      14910

>< SfaNI
>< Sau3AI
>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< Bsp143I
>< PleI
>< HinfI>< MnlI
>< BspAI >< AlwI
>< ThaI
>< MvnI
>< BstUI
>< Bst1107I
>< BspWI >< FokI
>< Bsp50I
>< AccII>< DdeI
>< AccI
TTTATTATGA CTCAATGAGT TATGAGGATC AAGATGCACT TTTCGCGTAT ACTAAGCGTA ATGTCATCCC
14920      14930      14940      14950      14960      14970      14980

>< SstI
>< SduI
>< SacI

```

FIGURE 13.35

49/83

```

AGGTGGAACA TCATCCGGTG ATGCTACAAC TGCTTATGCT AATAGTGTCT TTAACATTTG TCAAGCTGTT
15410      15420      15430      15440      15450      15460      15470

>< BspWI                                     >< DrdI
ACAGCCAATG TAAATGCACT TCTTTCAACT GATGGTAATA AGATAGCTGA CAAGTATGTC CGCAATCTAC
15480      15490      15500      15510      15520      15530      15540

                                     >< AluI       > < AciI
                                     >< Sau3AI
                                     >< NdeII
                                     >< MboI
                                     > < MamI
                                     >< FbaI
                                     >< DpnII
                                     >< DpnI
                                     >< BspHI
                                     >< BspAI
                                     >< Bsp143I
                                     >< BsiQI
                                     >< SfcI       > < BsiBI>< NlaIII
                                     >< BsmAI       > < BsaBI>< FokI
                                     >< Alw26I      >< BclI>< EcoRI       FokI ><
AACACAGGCT CTATGAGTGT CTCTATAGAA ATAGGGATGT TGATCATGAA TTCGTGGATG AGTTTTACGC
15550      15560      15570      15580      15590      15600      15610

                                     >< TfiI
                                     >< SfaNI
                                     >< NlaIII
                                     >< BspMI       >< HinfI
TTACCTGCGT AAACATTTCT CCATGATGAT TCTTTCTGAT GATGCCGTTG TGTGCTATAA CAGTAACTAT
15620      15630      15640      15650      15660      15670      15680

                                     > < RmaI
                                     >< NheI >< Tru9I
>< Fnu4HI       > < MaeI       >< Tru9I
>< AciI         >< AluI >< MseI   >< MseI
GCGGCTCAAG GTTTAGTAGC TAGCATTAAAG AACTTTAAGG CAGTTCITTA TTATCAAAAT AATGTGTTCA
15690      15700      15710      15720      15730      15740      15750

                                     >< SinI
                                     >< Sau96I
                                     >< PssI
                                     >< Psp5II
                                     >< PpuMI
                                     >< NspIV
                                     >< NspHII
                                     >< EcoO109I
                                     >< Eco47I
                                     >< DraII
                                     >< Cfr13I
                                     >< BsiZI
                                     >< Bme18I
                                     >< AvaII
                                     >< AsuI       >< MnlI
>< NlaIII       >< BsmAI
>< DdeI         >< Alw26I
TGTCTGAGGC AAAATGTTGG ACTGAGACTG ACCTTACTAA AGGACCTCAC GAATTTTGCT CACAGCATAC
15760      15770      15780      15790      15800      15810      15820

                                     >< XhoII
                                     >< Sau3AI
                                     >< NdeII
                                     >< MflI
                                     >< MboI

```

```

                >< RsaI                >< DpnII
                >< MaeII                >< DpnI
                >< Csp6I                >< BstYI
                >< BsaAI                >< BspMI
                >< AflIII                >< BspAI
                >< AfaI                >< AlwI>< Bsp143I
                >< BspWI>< MseI                >< SfaNI
AATGCTAGTT AAACAAGGAG ATGATTACGT GTACCTGCCT TACCCAGATC CATCAAGAAT ATTAGGCGCA
15830      15840      15850      15860      15870      15880      15890

                >< RsaI                >< SfaNI
                >< TthHB8I                >< Csp6I                >< MaeIII
                >< TaqI                >< AfaI                >< BsrI ><
GGCTGTTTTG TCGATGATAT TGTCAAAACA GATGGTACAC TTATGATTGA AAGGTTCTGT TCACTGGCTA
15900      15910      15920      15930      15940      15950      15960

> < FokI
>< BspWI
TTGATGCTTA CCCACTTACA AAACATCCTA ATCAGGAGTA TGCTGATGTC TTTCACCTGT ATTTACAATA
15970      15980      15990      16000      16010      16020      16030

                >< Van91I
                >< PflMI
                >< NspI
                > < Pali>< NspHI
                > < MscI>< NlaIII
                > < HaeIII
                > < BsuRI
                >< BsrI
                >< EaeI >< BslI >< NspI
                > < BshI>< BsiYI >< NspHI
                >< NlaIII                >< AflIII >< AflIII
                >< MaeIII                >< AluI > < BalI>< AccB7I >< NlaIII
CATTAGAAAG TTACATGATG AGCTTACTGG CCACATGTTG GACATGTATT CCGTAATGCT AACTAATGAT
16040      16050      16060      16070      16080      16090      16100

                >< RsaI> < NlaIV
                >< MnlI
                >< Csp6I                >< DdeI                >< RsaI
                >< BsrI >< MnlI                >< Csp6I
                >< AfaI> < BscBI                >< AfaI                >< SfcI ><
AACACCTCAC GGTAAGGGA ACCTGAGTTT TATGAGGCTA TGTACACACC ACATACAGTC TTGCAGGCTG
16110      16120      16130      16140      16150      16160      16170

                >< NlaIV
                >< EcoNI
                >< Eco31I
                >< Eco64I>< BsmAI
                >< BscBI >< BslI
                >< BanI                >< BsiYI
                >< AciI                >< BsaI
                >< BspWI                >< AccB1I>< Alw26I BbvI ><
TAGGTGCTTG TGTATTGTGC AATTCACAGA CTTCACTTCG TTGCGGTGCC TGTATTAGGA GACCATTCTT
16180      16190      16200      16210      16220      16230      16240

                >< Tth111I
                >< Fnu4HI                >< NlaIII
                >< BspWI >< AspI                >< Tru9I
                >< BspWI >< AspI                >< MseI
ATGTTGCAAG TGCTGCTATG ACCATGTCAT TTCAACATCA CACAAATTAG TGTGTCTGT TAATCCCTAT
16250      16260      16270      16280      16290      16300      16310

                >< ScrFI
                >< MvaI

```

FIGURE 13.37

51/83

```

>< EcoRII
>< Ecl136I
>< DsaV
>< BstOI
>< BstNI
>< BsiLI
>< BsaJI
>< ApyI
>< MaeIII >< MaeIII
>< MaeI
>< RmaI
>< MnlI
BspWI ><
>< AluI
GTTTGCAATG CCCCAGGTTG TGATGTCAC TATGTGACAC AACTGTATCT AGGAGGTATG AGCTATTATT
16320 16330 16340 16350 16360 16370 16380

>< MaeIII >< MnlI
GCAAGTCACA TAAGCCTCCC ATTAGTTTTT CATTATGTGC TAATGGTCAG GTTTTTGGTT TATACAAAAA
16390 16400 16410 16420 16430 16440 16450

>< NspI
>< NspHI > < Tth111I
>< NlaIII>< MaeIII>< MaeIII
>< AflIII >< AspI
>< AflIII
CACATGTGTA GGCAGTGACA ATGTCAC TCAATGCG ATAGCAACAT GTGATTGGAC TAATGCTGGC
16460 16470 16480 16490 16500 16510 16520

>< RsaI
>< PleI
>< DdeI
>< Csp6I
>< BsmAI >< HinfI
>< Alw26I >< HindIII
>< AfaI >< AluI >< Fnu4HI >< BbvI
GATTACATAC TTGCCAACAC TTGTACTGAG AGACTCAAGC TTTTCGCAGC AGAAACGCTC AAAGCCACTG
16530 16540 16550 16560 16570 16580 16590

> < ThaI
>< ScaI
>< RsaI >< RsaI
> < MvnI
>< Csp6I >< Csp6I
> < BstUI
> < Bsp50I
> < AfaI >< AfaI
> < AccII
MnlI >
AGGAAACATT TAAGCTGTCA TATGGTATTG CCACTGTACG CGAAGTACTC TCTGACAGAG AATTGCATCT
16600 16610 16620 16630 16640 16650 16660

MaeIII ><
>< MaeIII
>< EcoO651
>< Eco91I
>< BstPI
>< BstEII
>< BsrI
>< SfaNI
>< NlaIII
>< RmaI
>< MaeI
TTCATGGGAG GTTGGAAC CTAGACCACC ATTGAACAGA AACTATGTCT TTACTGGTTA CCGTGTAAC
16670 16680 16690 16700 16710 16720 16730

RsaI ><
>< MnlI
>< HphI
>< RsaI
>< Csp6I
>< AfaI
>< AfaI
>< SfaNI
>< MaeIII
>< HphI AfaI ><
AAAAATAGTA AAGTACAGAT TGGAGAGTAC ACCTTTGAAA AAGGTGACTA TGGTGATGCT GTTGTGTACA
16740 16750 16760 16770 16780 16790 16800

```

FIGURE 13. 38

```

    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< AfaI
GAGGTACTAC GACATACAAG TTGAATGTTG GTGATTACTT TGTGTTGACA TCTCACA CTG TAATGCCACT
16810      16820      16830      16840      16850      16860      16870

    >< HphI
    >< HindII
    >< HincII
    DdeI ><
    BfrI ><

    >< VneI
    >< SnoI
    >< SduI
    >< NspII
    >< HgiAI
    >< DraIII
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< ApaLI
    >< Alw44I
    >< Alw21I
    >< RmaI
    >< MaeI
    >< BspWI
    >< DraIII
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< Alw21I
    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< BsrI
    >< AfaI
    DdeI >
TAGTGACCT ACTCTAGTGC CACAAGAGCA CTATGTGAGA ATTACTGGCT TGTACCCAAC ACTCAACATC
16880      16890      16900      16910      16920      16930      16940

    StyI ><
    SinI >
    Sau96I >
    NspIV >
    EcoT14I ><
    Eco47I >
    Eco130I ><
    >< ScaI Cfr13I >
    BssT1I ><
    >< SphI >< RsaI .BsiZI >
    >< PaeI BsaJI ><
    >< NlaIII Bme18I >
    >< NspI>< Csp6I AvaII >
    >< NspHI>< AfaI AsuI >
TCAGATGAGT TTTCTAGCAA TGTTGCAAAT TATCAAAAGG TCGGCATGCA AAAGTACTCT ACACTCCAAG
16950      16960      16970      16980      16990      17000      17010

    >< ScrFI
    >< RsaI
    >< MvaI
    >< EcoRII
    >< Ecl136I
    >< Csp6I
    >< BstOI
    >< BstNI
    >< XcmI >< BslI
    >< NspHII >< BsiYI
    >< BsiLI
    >< ApyI >< BsrI
    >< DsaV>< AfaI >< HinfI>< PleI
GACCACCTGG TACTGGTAAG AGTCATTTTG CCATCGGACT TGCTCTCTAT TACCCATCTG CTCGCATAGT
17020      17030      17040      17050      17060      17070      17080

    >< SfaNI
    >< SphI >< PvuII
    >< PaeI >< Psp5I
    >< NspI >< NspBII
    >< NspHI >< Fnu4HI
    >< Bst1107I >< NlaIII>< BspWI >< SspI
    >< AccI >< NlaIII >< AluI >< BbvI >< MseI
GTATACGGCA TGCTCTCATG CAGCTGTTGA TGCCCTATGT GAAAAGGCAT TAAAATATTT GCCCATAGAT
17090      17100      17110      17120      17130      17140      17150

```

FIGURE 13.39

53/83

```

> < ThaI
>< ThaI
> < MvnI
>< MvnI >< ThaI
> < HinPII
>< HinPII
>< HinPII >< MvnI
> < Hin6I
>< Hin6I
> < HhaI
>< HhaI >< HhaI
> < CfoI
>< CfoI >< CfoI
> < BstUI
>< BstUI >< BstUI
>< BssHII
>< BspMI
> < Bsp50I
>< Bsp50I>< Bsp50I
>< TfiI >< Hin6I> < AccII RmaI >
>< HinfI >< AccII >< AccII MaeI >
AAATGTAGTA GAATCATACC TGCGCGTGCG CGCGTAGAGT GTTTGTGATAA ATTCAAAGTG AATTCAACAC > < EcoRI
17160 17170 17180 17190 17200 17210 17220

>< Zsp2I
>< Ppu10I
>< NsiI
>< Mph1103I
>< EcoT22I
>< BsgI > < AvaIII >< DrdI
TAGAACAGTA TGTTTTCTGC ACTGTAAATG CATTGCCAGA AACAACTGCT GACATTGTAG TCTTTGATGA
17230 17240 17250 17260 17270 17280 17290

>< RmaI
>< MaeI >< MaeII
AATCTCTATG GCTACTAATT ATGACTTGAG TGTTGTCAAT GCTAGACTTC GTGCAAAACA CTACGTCTAT
17300 17310 17320 17330 17340 17350 17360

>< Sau3AI
>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< BspAI
>< AlwI>< Bsp143I > < AciI >< RmaI
ATTGGCGATC CTGCTCAATT ACCAGCCCCC CGCACATTGC TGAATAAAGG CACACTAGAA CCAGAATATT >< MaeI SspI ><
17370 17380 17390 17400 17410 17420 17430

>< SniI
>< Sau96I
>< NspIV >< StyI
>< NspHII >< NspI
>< Eco47I >< NspHI
>< Cfr13I >< NlaIII
>< Bsi2I >< EcoT14I
>< BsgI >< Eco130I
>< Bme18I >< BssT1I
>< AvaII >< BsaJI
>< AsuI> < AflIII
>< Tru9I
>< MseI
TTAATTCAGT GTGCAGACTT ATGAAAACAA TAGGTCCAGA CATGTTCCCTT GGAAGTTGTC GCCGTTGTCC
17440 17450 17460 17470 17480 17490 17500

```

```

      >< HindII
      >< HincII
      >< AluI
TGCTGAAATT GTTGACACTG TGAGTGCTTT AGTTTATGAC AATAAGCTAA AAGCACACAA GGATAAGTCA
  17510      17520      17530      17540      17550      17560      17570

>< AluI
GCTCAATGCT TCAAAATGTT CTACAAAGGT GTTATTACAC ATGATGTTTC ATCTGCAATC AACAGACCTC
  17580      17590      17600      17610      17620      17630      17640

      >< NlaIII

      >< MnlI
>< EcoNI
      >< BslI
      >< BsiYI
      >< HphI
      >< AluI
AAATAGGCGT TGTAAGAGAA TTTCTTACAC GCAATCCTGC TTGGAGAAAA GCTGTTTTTA TCTCACCTTA
  17650      17660      17670      17680      17690      17700      17710

      >< SfcI
      >< DdeI
      >< TfiI
      >< AluI
      >< BfrI
      >< HinfI
TAATTCACAG AACGCTGTAG CTTCAAAAAT CTTAGGATTG CCTACGCAGA CTGTTGATTG ATCACAGGGT
  17720      17730      17740      17750      17760      17770      17780

      >< Tth111I
      >< AspI
      >< HindII
      >< HincII
      >< AciI
TCTGAATATG ACTATGTCAT ATTCACACAA ACTACTGAAA CAGCACACTC TTGTAATGTC AACCGCTTCA
  17790      17800      17810      17820      17830      17840      17850

      >< XhoII
      >< Sau3AI
      >< NdeII
      >< MflI
      >< MboI
      >< MamI
      >< DpnII
      >< DpnI
      >< BstYI
      >< BspAI
      >< Bsp143I
      >< BsiBI
      >< BsaBI
      >< BglII
      >< BspWI
ATGTGGCTAT CACAAGGGCA AAAATTGGCA TTTTGTGCAT AATGTCTGAT AGAGATCTTT ATGACAAACT
  17860      17870      17880      17890      17900      17910      17920

      >< XbaI
      >< RmaI
      >< MaeI
      >< MaeII
      >< MaeIII
      >< BsrI
      >< BsrI ><
GCAATTTACA AGTCTAGAAA TACCACGTCG CAATGTGGCT ACATTACAAG CAGAAAATGT AACTGGACTT
  17930      17940      17950      17960      17970      17980      17990

      >< Sau3AI
      >< NdeII
      >< MboII
      >< MboI
      >< FokI
      >< DpnII
      >< DpnI
      >< BspAI
      >< Bsp143I
      >< NlaIV
      >< Eco64I
      >< BscBI
      >< BanI
      >< AccB1I
      >< MnII ><
      >< MseI>< SfcI
      >< BbsI >< BsrI
      >< DdeI

```

FIGURE 13. 41

55/83

```

TTTAAGGACT GTAGTAAGAT CATTACTGGT CTTTCATCCTA CACAGGCACC TACACACCTC AGCGTTGATA
 18000      18010      18020      18030      18040      18050      18060

                >< ScrFI
                >< MvaI
                >< EcoRII
                >< Eco57I
                >< Ecl136I
                >< DsaV
                >< BstOI
                >< BstNI
                >< HindII>< BsiLI
                >< HincII>< ApyI
                >< PleI
                >< NlaIII
                HinfI ><
                AccI ><
TAAAGTTCAA GACTGAAGGA TTATGTGTTG ACATACCAGG CATACCAAAG GACATGACCT ACCGTAGACT
 18070      18080      18090      18100      18110      18120      18130

                >< MaeIII
                >< EcoO651
                >< Eco91I
                >< BstXI
                >< BstPI
                >< BstEII
                >< HphI
                >< HincII
                >< Bsp50I
                >< AciI
                >< AccII ><
CATCTCTATG ATGGGTTTCA AAATGAATTA CCAAGTCAAT GGTACCCTA ATATGTTTAT CACCCGCGAA
 18140      18150      18160      18170      18180      18190      18200

                >< XmnI
                > < MboII
                > < MaeIII
                >< Asp700I
                >< AluI
                >< MaeII
                >< MnlI
                >< SfaNI
                >< RmaI
                >< NlaIII
                >< MaeI
GAAGCTATTC GTCACGTTTC TGCCTGGATT GGCTTTGATG TAGAGGGCTG TCATGCAACT AGAGATGCTG
 18210      18220      18230      18240      18250      18260      18270

                >< Tru9I
                >< MseI
                >< HpaI
                >< RsaI
                >< GsuI
                >< Csp6I
                >< BpmI
                >< AfaI
                >< RmaI
                >< MnlI
                >< MaeI
                >< AluI
                >< SfcI
                >< BfrI
                >< AfaI
                >< RsaI
                >< Csp6I
                >< BsrI ><
                >< AfaI
TGGGTACTAA CCTACCTCTC CAGCTAGGAT TTTCTACAGG TGTTAACTTA GTAGCTGTAC CGACTGGTTA
 18280      18290      18300      18310      18320      18330      18340

                >< ScrFI
                >< MvaI
                >< MnlI
                >< MaeIII
                >< EcoRII
                >< EcoO651
                >< EcoNI
                >< Eco91I
                >< Ecl136I
                >< DsaV
                >< Tru9I ><
                >< DraIII
                >< BstPI
                >< BstOI
                >< BstNI
                >< PmeI ><
                >< BstEII
                >< BslI
                >< MseI
                >< BsiYI
                >< HphI ><
                >< BsiLI
                >< DraI ><
                >< ApyI >< BsrI

>< HindII
>< HincII
>< HphI
>< EcoRI
>< Tru9I
>< MseI

```

56/83

```

TGTGACACT GAAAATAACA CAGAATTCAC CAGAGTTAAT GCAAAACCTC CACCAGGTGA CCAGTTTAAA
18350      18360      18370      18380      18390      18400      18410

      >< ScrFI
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< Ecl136I
      >< DsaV
      >< BstOI
      >< BstNI
      >< BsiLI
      >< BsaJI
      >< ApyI
      >< NlaIII
      >< Tru9I>< Csp6I
      >< MseI >< AfaI
CATCTTATAC CACTCATGTA TAAAGGCTTG CCCTGGAATG TAGTGCGTAT TAAGATAGTA CAAATGCTCA
18420      18430      18440      18450      18460      18470      18480

      >< NlaIII
      >< HinPII
      >< Tth111I
      >< Hin6I
      >< HinfI
      >< HhaI
      >< AspI
      >< PleI
      >< CfoI
      >< AluI
GTGATACACT GAAAGGATTG TCAGACAGAG TCGTGTTCGT CCTTGGGCG CATGGCTTTG AGCTTACATC
18490      18500      18510      18520      18530      18540      18550

      >< SinI
      >< Sau96I
      >< NspIV
      >< NspHII
      >< Eco47I
      >< Cfr13I
      >< ScaI
      >< Bsi2I
      >< RsaI
      >< Bme18I
      >< Csp6I
      >< AvaII
      >< MaeII
      >< AflIII
      >< AsuI
      >< MaeIII>< MaeII
AATGAAGTAC TTTGTCAAGA TTGGACCTGA AAGAACGTGT TGTCTGTGTG ACAAACGTGC AACTTGCTTT
18560      18570      18580      18590      18600      18610      18620

      >< TfiI
      >< Tth111I
      >< HinfI
      >< AspI
TCTACTTCAT CAGATACTTA TGCCTGCTGG AATCATTCTG TGGGTTTTGA CTATGTCTAT AACCCATTTA
18630      18640      18650      18660      18670      18680      18690

      >< ScrFI
      >< RsaI ><
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< Ecl136I ><
      >< DsaV
      >< Csp6I ><
      >< BstXI ><
      >< MaeIII
      >< EcoO65I
      >< Eco91I
      >< BstPI
      >< BstEII
      >< MaeIII >< NlaIII
      >< AfaI ><
TGATTGATGT TCAGCAGTGG GGCTTTACGG GTAACCTTCA GAGTAACCAT GACCAACATT GCCAGGTACA
18700      18710      18720      18730      18740      18750      18760

      >< SfaNI
      >< RmaI
      >< NspI
      >< NspHI

```

FIGURE 13.43

57/83

```

                >< NlaIII                >< RmaI
                  >< MaeI                >< NlaIII                Tru9I ><
>< NlaIII    >< BspWI                >< MaeI                >< NlaIII
    > < AflIII                >< BspHI                MseI ><
TGGAATGCA CATGTGGCTA GTTGTGATGC TATCATGACT AGATGTTTAG CAGTCCATGA GTGCTTTGTT
18770      18780      18790      18800      18810      18820      18830

    >< ThaI
    >< MvnI
    >< HinPII
    >< Hin6I
    >< HhaI
    >< CfoI
    >< BstUI
    >< Bsp50I                >< EcoNI> < MnlI
    >< AccII                >< BslI                >< Tru9I
                                >< BsiYI                >< DdeI >< MseI
AAGCGCGTTG ATTGGTCTGT TGAATACCCT ATTATAGGAG ATGAACTGAG GGTAAATTCT GCTTGCAGAA
18840      18850      18860      18870      18880      18890      18900

    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< AfaI    >< NlaIII                >< BspWI                >< MboII                > < NlaIII
    >< AfaI    >< NlaIII                >< BspWI                >< BsrI    >< BspHI
AAGTACAACA CATGGTTGTG AAGTCTGCAT TGCTTGCTGA TAAGTTTCCA GTTCTTCATG ACATTGGAAA
18910      18920      18930      18940      18950      18960      18970

                                >< SauI
                                >< MstII
                                >< Eco81I
                                >< DdeI
                                >< CvnI
                                >< Bsu36I
                                >< Bse21I
                                >< AxyI
                                >< AocI    >< MnlI    >< SfaNI
                                >< Bpu1102I
TCCAAAGGCT ATCAAGTGTG TGCCTCAGGC TGAAGTAGAA TGGAAGTTCT ACGATGCTCA GCCATGTAGT
18980      18990      19000      19010      19020      19030      19040

    >< MnlI                >< Ksp632I
    >< HindIII                >< EarI
    >< AluI    >< MboII                >< Eam1104I
GACAAAGCTT ACAAAATAGA GGAACCTCTT TATTCTTATG CTACACATCA CGATAAATTC ACTGATGGTG
19050      19060      19070      19080      19090      19100      19110

    >< Sau3AI
    >< NdeII
    >< MboI
    >< MaeII> < MaeIII
    >< DpnII
    >< DpnI
    >< BspAI
    >< MaeIII    >< Bsp143I                >< MunI                HinfI >
TTTGTGTTGTT TTGGAATTGT AACGTTGATC GTTACCCAGC CAATGCAATT GTGTGTAGGT TTGACACAAG
19120      19130      19140      19150      19160      19170      19180

                                Zsp2I ><
                                >< SphI
                                > < Ppu10I
                                >< PaeI
                                >< NspI
                                >< NspHI
                                >< NlaIII
                                Mph1103I ><
    >< ScrFI
    >< MvaI
    >< EcoRII

```

58/83

```

                >< Ecl136I
                >< DsaV
                >< BstOI
                >< BstNI
                >< BsiLI
                >< ApyI
                >< PleI
AGTCTTGTC AACTTGAAC TACCAGGCTG TGATGGTGGT AGTTTGTATG TGAATAAGCA TGCATTCCAC
19190      19200      19210      19220      19230      19240      19250

                >< Tru9I
                > < MunI
                >< TthHB8I
                >< MseI
>< BcgI/a >< TaqI
                >< DraI
>< AluI
                >< BcgI
ACTCCAGCTT TCGATAAAAAG TGCATTTACT AATTTAAAGC AATTGCCTTT CTTTTACTAT TCTGATAGTC
19260      19270      19280      19290      19300      19310      19320

                >< PleI
                >< NlaIII
                >< BsmAI
                >< HinfI>< Alw26I
                SfaNI ><
                >< MaeII
                BsaAI ><
                AflIII ><
CTTGTGAGTC TCATGGCAAA CAAGTAGTGT CGGATATTGA TTATGTTCCA CTCAAATCTG CTACGTGTAT
19330      19340      19350      19360      19370      19380      19390

                Zsp2I >
                >< ScaI
                Ppu10I ><
                >< RsaINsiI >
                Mph1103I >
                >< SfaNIEcoT22I >
                > < RsaI >< Csp6I
                >< Csp6I
                >< NlaIII> < AfaI >< AfaI
                >< AvaIII>><
TACACGATGC AATTTAGGTG GTGCTGTTTG CAGACACCAT GCAAATGAGT ACCGACAGTA CTTGGATGCA
19400      19410      19420      19430      19440      19450      19460

                >< FokI
TATAATATGA TGATTTCTGC TGGATTTAGC CTATGGATTT ACAAACAATT TGATACTTAT AACCTGTGGA
19470      19480      19490      19500      19510      19520      19530

                >< ScrFI
                >< MvaI
                >< MaeIII
>< EcoRII
                >< Ecl136I
>< DsaV
                >< BstOI
                >< BstNI
                >< BsiLI
                >< ApyI
                >< Tru9I
                >< MseI
ATACATTTAC CAGGTTACAG AGTTTAGAAA ATGTGGCTTA TAATGTTGTT AATAAAGGAC ACTTTGATGG
19540      19550      19560      19570      19580      19590      19600

                >< SgrAI
                >< NaeI
                >< MspI
                >< HpaII
                >< HapII
                >< Cfr10I
                >< BspWI
                > < VspI
                > < Tru9I
                > < MseI
                > < AsnI
                > < AseI
ACACGCCGGC GAAGCACCTG TTTCCATCAT TAATAATGCT GTTTACACAA AGGTAGATGG TATTGATGTG
19610      19620      19630      19640      19650      19660      19670

```

FIGURE 13. 45

59/83

```

>< XhoII
>< Sau3AI
>< NdeII
>< MflI
>< MboI
>< DpnII
  >< DpnI
>< BstYI
>< BspAI
  >< Bsp143I
>< BglII
GAGATCTTTG AAAATAAGAC AACACTTCCT GTTAATGTTG CATTTGAGCT TTGGGCTAAG CGTAACATTA
19680      19690      19700      19710      19720      19730      19740

                                >< MaeIII
                                >< EspI
                                >< DdeITru9I ><
                                >< CeliIMseI ><
                                >< Bpu1102I
                                >< AluI
                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< Fnu4HI
                                >< EcoRV
                                >< Eco32I
                                >< BbvI
                                >< BsrI
                                >< MseI
AACCAGTGCC AGAGATTAAG ATACTCAATA ATTTGGGTGT TGATATCGCT GCTAATACTG TAATCTGGGA
19750      19760      19770      19780      19790      19800      19810

                                >< NspI
                                >< NspHI
                                >< NlaIII
                                >< BsqI
                                >< AflIII
CTACAAAAGA GAAGCCCCAG CACATGTATC TACAATAGGT GTCTGCACAA TGA CTGACAT TGCCAAGAAA
19820      19830      19840      19850      19860      19870      19880

                                >< DdeI>< MboII
                                >< AccI
CCTACTGAGA GTGCTTGTTT TTTCACTTACT GTCTTGTTTG ATGGTAGAGT GGAAGGACAG GTAGACCTTT
19890      19900      19910      19920      19930      19940      19950

                                SinI ><
                                Sau96I ><
                                NspIV ><
                                NspHII ><
                                NlaIV ><
                                Eco47I ><
                                Cfr13I ><
                                >< BslI
                                BsiZI ><
                                >< BsiYI
                                BscBI ><
                                Bme18I ><
                                AvaII ><
                                AsuI ><
                                >< Tru9I
                                >< MseI
TTAGAAACGC CCGTAATGGT GTTTTAATAA CAGAAGGTTC AGTCAAAGGT CTAACACCTT CAAAGGGACC
19960      19970      19980      19990      20000      20010      20020

                                >< VspI
                                >< Tru9I
                                >< PleI
                                >< RmaI
                                >< MseI
                                >< NheI
                                >< MaeIII
                                >< AsnI
                                >< TfiI
                                >< HgaI>< AluI
                                >< HinfI>< AseI
                                >< HinfI
                                >< MseI
AGCACAAGCT AGCGTCAATG GAGTCACATT AATTGGAGAA TCAGTAAAAA CACAGTTTAA CTACTTTAAG
20030      20040      20050      20060      20070      20080      20090

                                >< DdeI
                                >< MnlI
                                >< Tru9I ><
                                >< BsmAI
                                >< DdeI

```

```

>< AccI                                     >< Alw26I >< BfrIMseI ><
AAAGTAGACG GCATTATTCA ACAGTTGCCT GAAACCTACT TTA CTCAGAG CAGAGACTTA GAGGATTTTA
      20100      20110      20120      20130      20140      20150      20160

                                >< TthHB8I
                                >< TaqI
                                    >< SstI
                                    >< SduI
                                    >< SacI
                                > < PaeR7I
                                > < NspIII
                                    >< NspII
                                    >< HgiAI
                                > < Eco88I
                                > < XhoI>< Eco24I
                                    >< Ecl136II
                                > < SlaI>< Bsp1286I
                                > < CcrI>< BmyI
                                > < BcoI>< BanII
                                > < Ama87I
                                > < AvaI>< Alw21I
                                >< AluI
                                >< EcoRI
                                >< FokIAluI ><
                                >< XcmI
>< Sau3AI
>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< BspAI
>< Bsp143I
AGCCCAGATC ACAAATGGAA ACTGACTTTC TCGAGCTCGC TATGGATGAA TTCATACAGC GATATAAGCT
      20170      20180      20190      20200      20210      20220      20230

                                >< TthHB8I
                                >< TaqI
                                >< SfuI
                                >< NspV
                                >< LspI
                                >< Csp45I
                                >< BstBI
                                >< Bsp119I
                                >< BsiCI
                                >< Bpu14I
                                >< AsuII >< BcgI
                                >< MboII
                                >< BbsI
                                >< NlaIII >< AciIMseI ><
                                >< Tru9I ><
CGAGGGCTAT GCCTTCGAAC ACATCGTTTA TGGAGATTTT AGTCATGGAC AACTTGCGCG TCTTCATTTA
      20240      20250      20260      20270      20280      20290      20300

                                >< HphI
                                >< HinPII
                                >< Hin6I
                                >< EspI
                                > < HhaI >< TfiI
                                >< DdeI
                                >< HaeII
                                >< CelII >< Eco47III
                                >< Bpu1102I > < CfoI >< HinfI
                                >< BfrI
                                >< Bsp143II
                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< MnlI
ATGATAGGCT TAGCCAAGCG CTCACAAGAT TCACCACTTA AATTAGAGGA TTTTATCCCT ATGGACAGCA
      20310      20320      20330      20340      20350      20360      20370

                                >< MstI
                                >< HinPII
                                >< Hin6I
                                >< HhaI
                                >< FspI
                                >< FdiII
                                >< CfoI
                                >< SfaNI
                                >< AviiI
                                >< Sau3AI ><
                                >< NdeII ><
                                >< MboI ><
                                >< DpnII ><
                                >< DpnI ><
                                >< BspAI ><
                                >< Bsp143I ><
CAGTGAAAAA TTA CTCATA ACAGATGCGC AAACAGGTTT ATCAAAATGT GTGTGTTCTG TGATTGATCT
      20380      20390      20400      20410      20420      20430      20440

                                >< TthHB8I

```

FIGURE 13.47

61/83

```

>< Tth111I
>< TaqI
>< AspI > < MaeIII MaeIII ><
TTTACTTGAT GACTTTGTCG AGATAATAAA GTCACAAGAT TTGTCAGTGA TTTCAAAAGT GGTCAGGTT
20450 20460 20470 20480 20490 20500 20510

>< NspI
>< NspHI
>< NlaIII
>< FokI
>< MunI > < NlaIII >< AflIII
ACAATTGACT ATGCTGAAAT TTCATTCATG CTTTGGTGTA AGGATGGACA TGTTGAAACC TTCTACCCAA
20520 20530 20540 20550 20560 20570 20580

>< SfaNI
>< ScrFI
>< MvaI
>< EcoRII
>< Ecl136I
>< DsaV
>< BstOI >< SfaNI
>< BstNI >< RsaI BspWI ><
>< BsiLI > < Csp6I BsmI >
>< BspWI >< ApyI >< AfaI BscCI ><
AACTACAAGC AAGTCAAGCG TGGCAACCAG GTGTTGCGAT GCCTAACTTG TACAAGATGC AAAGAATGCT
20590 20600 20610 20620 20630 20640 20650

>< Eco57I >< MaeIII >< HphI
TCTTGAAAAG TGTGACCTTC AGAATTATGG TGAAAATGCT GTTATACCAA AAGGAATAAT GATGAATGTC
20660 20670 20680 20690 20700 20710 20720

> < RsaI
>< Csp6I
>< Bst1107I >< Tru9I >< AluI
>< AccI >< MseI > < AfaINlaIII ><
GCAAAGTATA CTCAACTGTG TCAATACTTA AATACACTTA CTTTAGCTGT ACCCTACAAC ATGAGAGTTA
20730 20740 20750 20760 20770 20780 20790

>< ScrFI
>< RsaI
>< MvaI
>< EcoRII >< NspBII
>< Ecl136I >< SduI
> < Csp6I >< NspII
>< BstOI >< PvuII>< HgiAI
>< BstNI >< DdeI
>< BsiLI >< Psp5I>< Bsp1286I
>< ApyI >< AluI >< BmyI
>< DsaV>< AfaI >< Alw21I
TTCACCTTGG TGCTGGCTCT GATAAAGGAG TTGCACCAGG TACAGCTGTG CTCAGACAAT GGTTGCCAAC
20800 20810 20820 20830 20840 20850 20860

>< XhoII
>< Tru9I
>< Sau3AI
>< NdeII
>< TthHB8I >< MseI
>< MflI
>< MboI
>< MamI
>< DpnII
>< TfiI >< DpnI

```

```

>< BstYI                > < TfiI
>< BspAI                > < HinfI
>< HinfI>< Bsp143I      >< Esp3I                >< Tru9I
>< BsiBI                >< Tth111I            >< BsmBI                >< MseI
>< BsaBI                >< BsmAI                > < BsmAI
>< BsrI                >< TaqI >< BglII        >< AspI                >< Alw26I >< HgaI> < Alw26I
TGGCACACTA CTTGTCGATT CAGATCTTAA TGA CTTTCGTC TCCGACGCAG ATTCTACTTT AATTGGAGAC
20870      20880      20890      20900      20910      20920      20930

>< StyI
>< SinI
>< Sau96I
> < SinI
> < Sau96I
>< PssI
>< Psp5II
> < PpuMI
> < NspIV
>< NspHII
>< NlaIV
> < EcoO109I
> < Eco47I
> < DraII
> < Cfr13I
> < BsiZI
>< BscBI
>< RsaI
> < Csp6I
>< AfaI
TGTGCAACAG TACATACGGC TAATAAATGG GACCTTATTA TTAGCGATAT GTATGACCCT AGGACCAAAC
20940      20950      20960      20970      20980      20990      21000

>< NspI
>< NspHI
>< NlaIII >< PleI
>< MaeIII >< HinfI
ATGTGACAAA AGAGAATGAC TCTAAAGAAG GGTTTTTCAC TTATCTGTGT GGATTTATAA AGCAAAAAC
21010      21020      21030      21040      21050      21060      21070

>< ScrFI
>< MvaI
>< EcoRII
>< Ecl136I
>< DsaV
>< BstOI
>< BstNI
>< BsiLI
>< BsaJI
>< BsaJI >< SfcI
>< ApyI > < AluI >< BscCI >< BscCIHindIII ><>< AluI
AGCCCTGGGT GGTTCCTATAG CTGTAAAGAT AACAGAGCAT TCTTGGGAATG CTGACCTTTA CAAGCTTATG
21080      21090      21100      21110      21120      21130      21140

>< Zsp2I
>< Ppu10I
>< Pali
>< HaeIII
>< BsuRI
>< BshI
>< NlaIII>< AluI >< BcgI >< AvaIII >< SfaNIBcgI/a ><
GGCCATTTCT CATGGTGGAC AGCTTTTGT TACAAATGTAA ATGCATCATC ATCGGAAGCA TTTTAAATTG
21150      21160      21170      21180      21190      21200      21210

>< RmaI ><
>< MaeI ><
>< Sau96I >
>< NspIV >
>< Cfr13I >
>< BsiZI >
>< AsuI >

```

FIGURE 13.49

63/83

```

                                >< Zsp2I
                                >< SphI
                                >< Ppu10I
                                >< PaeI
                                >< NspI
                                >< NspHI
                                >< NsiI
                                >< NlaIII
                                > < NlaIII
                                >< Mph1103I
                                >< EcoT22I
                                > < AvaIII >< MnlI
GGGCTAACTA TCTTGGCAAG CCGAAGGAAC AAATTGATGG CTATACCATG CATGCTAACT ACATTTTCTG
  21220      21230      21240      21250      21260      21270      21280

                                Tru9I ><
                                >< Tru9I
                                MseI ><
                                >< MseI
                                MnlI ><
                                >< MboII
                                >< GsuI
                                >< BsrI
                                >< BpmI
                                >< BbsI
                                >< NlaIII >< MnlI
GAGGAACACA AATCCTATCC AGTTGTCTTC CTATTCACCTC TTTGACATGA GCAAATTTCC TCTTAAATTA
  21290      21300      21310      21320      21330      21340      21350

                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< Esp4I> < TfiI
                                >< BsmAI
                                >< Alw26I
                                >< AflIII> < HinfI
                                >< Ksp632I ><
                                >< MboII >< EarI
                                >< Eam1104I ><
AGAGGAACTG CTGTAATGTC TCTTAAGGAG AATCAAATCA ATGATATGAT TTATTCTCTT CTGGAAAAAG
  21360      21370      21380      21390      21400      21410      21420

                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< HindII
                                >< HincII
                                >< HpaI AflIII >
GTAGGCTTAT CATTAGAGAA AACAAACAGAG TTGTGGTTTC AAGTGATATT CTTGTTAACA ACTAAACGAA
  21430      21440      21450      21460      21470      21480      21490

                                >< VneI
                                >< SnoI
                                >< SduI
                                >< NspII
                                >< HpaII
                                >< HgiAI
                                >< HapII
                                >< Cfr10I
                                >< Bsp1286I
                                >< MspI>< BmyI
                                >< ApaLI
                                >< Alw44I
                                >< MaeI >< MaeIII >< AgeI >< Alw21I
CATGTTTATT TTCTTATTAT TTCTTACTCT CACTAGTGGT AGTGACCTTG ACCGGTGCAC CACTTTTGAT
  21500      21510      21520      21530      21540      21550      21560

                                > < AluI
                                >< MnlI
GATGTTCAAG CTCCTAATTA CACTCAACAT ACTTCATCTA TGAGGGGGGT TTACTATCCT GATGAAATTT
  21570      21580      21590      21600      21610      21620      21630

                                >< Sau3AI

```

```

>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< BspAI
>< Bsp143I
TTAGATCAGA CACTCTTTAT TTAAGTCAGG ATTTATTTCT TCCATTTTAT TCTAATGTTA CAGGGTTTCA
21640 21650 21660 21670 21680 21690 21700

>< VspI
>< Tru9I
>< MseI
>< AsnI
>< AseI >< MaeII
TACTATTAAT CATACGTTTG GCAACCCTGT CATACCTTTT AAGGATGGTA TTTATTTTGC TGCCACAGAG
21710 21720 21730 21740 21750 21760 21770

>< BslI
>< DsaI>< BsiYI
>< BsaJI
AAATCAAATG TTGTCCGTGG TTGGGTTTTT GGTCTACCA TGAACAACAA GTCACAGTCG GTGATTATTA
21780 21790 21800 21810 21820 21830 21840

>< Tru9I
>< MseI
>< HphI
>< NspI
>< NspHI
>< NlaIII
>< MaeIII
>< MaeIII
TTAACAATTC TACTAATGTT GTTATACGAG CATGTAAGTT TGAATTGTGT GACAACCCCTT TCTTTGCTGT
21850 21860 21870 21880 21890 21900 21910

>< StyI
>< NlaIII
>< NcoI >< RsaI
>< EcoT14I
>< Eco130I
>< DsaI>< Csp6I
>< BssT1I
>< BsaJI>< AfaI
TTCTAAACCC ATGGGTACAC AGACACATAC TATGATATTC GATAATGCAT TTAATTGCAC TTTCGAGTAC
21920 21930 21940 21950 21960 21970 21980

>< Tru9I
>< MseI
>< DraI
ATATCTGATG CCTTTTCGCT TGATGTTTCA GAAAAGTCAG GTAATTTTAA AACTTTACGA GAGTTTGTGT
21990 22000 22010 22020 22030 22040 22050

>< Sau3AI
>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< BspAI
>< SfcI Bsp143I ><
TTAAAAATAA AGATGGGTTT CTCTATGTTT ATAAGGGCTA TCAACCTATA GATGTAGTTC GTGATCTACC
22060 22070 22080 22090 22100 22110 22120

>< Tru9I
>< MseI
>< MnlI
TTCTGGTTTT AACACTTTGA AACCTATTTT TAAGTTGCCT CTTGGTATTA ACATTACAAA TTTTAGAGCC
22130 22140 22150 22160 22170 22180 22190

```

FIGURE 13.51

65/83

```

> < SduI>< SfcI
    >< PvuII
    >< Psp5I
> < NspII
    >< NspBII
> < MaeII > < Fnu4HI
> < Bsp1286I >< PstI      Tru9I >
> < BmyI>< Fnu4HI      MseI >
    >< AluI      >< BbvI
ATTCTTACAG CCTTTTCACC TGCTCAAGAC ATTTGGGGCA CGTCAGCTGC AGCCTATTTT GTTGGCTATT
    22200      22210      22220      22230      22240      22250      22260

    >< SfaNI
    >< RsaI
> < Csp6I
    >< AfaI      >< AlwNI
TAAAGCCAAC TACATTTATG CTCAAGTATG ATGAAAATGG TACAATCACA GATGCTGTTG ATTGTTCTCA
    22270      22280      22290      22300      22310      22320      22330

    > < Tru9I
    > < MseI
    >< AluI
AAATCCACTT GCTGAACTCA AATGCTCTGT TAAGAGCTTT GAGATTGACA AAGGAATTTA CCAGACCTCT
    22340      22350      22360      22370      22380      22390      22400

    >< SauI
    >< MstII
    >< Eco81I
    >< DdeI
    >< CvnI
    >< Bsu36I
    >< Bse21I
    >< AxyI
    >< AocI      >< MnlI      >< TfiI
AATTCAGGG TTGTTCCCTC AGGAGATGTT GTGAGATTCC CTAATATTAC AACTTGTGT CCTTTTGGAG
    22410      22420      22430      22440      22450      22460      22470

    >< Zsp2I
    >< Ppu10I
    >< NsiI
    > < NlaIII
    >< Mph1103I
    >< EcoT22I
    >< AvaIII
AGGTTTTTAA TGCTACTAAA TTCCCTTCTG TCTATGCATG GGAGAGAAAA AAAATTTCTA ATTGTGTTGC
    22480      22490      22500      22510      22520      22530      22540

    >< SduI
    >< NspII
    >< HgiAI
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< Alw21I
    >< Tru9I
    >< MseI
TGATTACTCT GTGCTCTACA ACTCAACATT TTTTCAACC TTAAAGTGCT ATGGCGTTTC TGCCACTAAG
    22550      22560      22570      22580      22590      22600      22610

    >< Sau3AI
    >< NdeII
    >< MboI
    >< DpnII
    >< DpnI

```

```

    >< BspAI
    >< Bsp143I
TTGAATGATC TTTGCTTCTC CAATGTCTAT GCAGATTCTT TTGTAGTCAA GGGAGATGAT GTAAGACAAA
    22620      22630      22640      22650      22660      22670      22680

    >< ScrFI
    >< MvaI
>< HinPII
>< Hin6I
    >< HhaI
    >< HaeII
    >< EcoRII
    >< Ecl136I
    >< DsaV
    >< CfoI
    >< BstOI
    >< BstNI
    >< Bsp143II
    >< BsiLI
    >< ApyI
    > < BsrI
    >< NlaIII
TAGCGCCAGG ACAAACTGGT GTTATTGCTG ATTATAATTA TAAATTGCCA GATGATTCA TGGGTTGTGT
    22690      22700      22710      22720      22730      22740      22750

    >< SfaNI
    >< RmaI
    >< MaeI
    >< BsrI
    DdeI ><
    BfrI ><
CCTTGCTTGG AATACTAGGA ACATTGATGC TACTTCAACT GGTAATTATA ATTATAAATA TAGGTATCTT
    22760      22770      22780      22790      22800      22810      22820

    >< Sau96I
    >< Pali
    >< NspIV
> < HindIII
    >< HaeIII
    >< Eco0109I
    >< DraII
    >< DdeI
    >< Cfr13I
    >< BsuRI
    >< BsiZI
    >< BshI
    >< BfrI >< PssI
    >< NlaIII >< AsuI>< BsmAI
    >< AluI >< Alw26I
    BspWI ><
AGACATGGCA AGCTTAGGCC CTTTGAGAGA GACATATCTA ATGTGCCTTT CTCCCCTGAT GGCAAACCTT
    22830      22840      22850      22860      22870      22880      22890

    >< Tru9I
    >< Pali
    >< MscI
    >< HaeIII
    >< EaeI>< MseI
    >< Tru9I >< BsuRI
    >< MseI >< BshI
    >< BspMI >< BalI
    BsrI ><
GCACCCACC TGCTCTTAAT TGTTATTGGC CATTAAATGA TTATGGTTTT TACACCACTA CTGGCATTGG
    22900      22910      22920      22930      22940      22950      22960

    Sau96I ><
    >< PalINspIV ><
    > < MspI NspHII ><
    >< HaeIII

```

FIGURE 13.53

67/83

```

> < HpaII Eco47I ><
    >< DsaI
> < HapII Cfr13I ><
    >< BsuRISinI ><
    >< GdiII BsiZI ><
    >< BsaJI
    >< ScaI
    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< AfaI
CTACCAACCT TACAGAGTTG TAGTACTTTC TTTTGAACCT TTAAATGCAC CGGCCACGGT TTGTGGACCA
  22970      22980      22990      23000      23010      23020      23030

    >< Tru9I
    >< Tru9I
    >< PfiI
    >< MseI
    >< RsaI
    >< Csp6I
    >< BsrI ><
    >< MseI >< BsrI
    >< MseI >< HinfI >< AfaI
AAATTATCCA CTGACCTTAT TAAGAACCAG TGTGTCAATT TTAATTTTAA TGGACTCACT GGTACTGGTG
  23040      23050      23060      23070      23080      23090      23100

    >< Tru9I
    >< MseI
    >< MboII
    >< HpaI
    >< HindII
    >< HincII
    >< Pali
    >< HaeIII
    >< GdiII
    >< EaeI
    >< BsuRI
    >< BshI
    >< TfiI ><
    >< HinfI ><
TGTTAACTCC TTCTTCAAAG AGATTTC AAC CATTTC AACA ATTTGGCCGT GATGTTTCTG ATTTCACTGA
  23110      23120      23130      23140      23150      23160      23170

    > < XhoII
    >< TthHB8I
    >< TaqI
    > < Sau3AI
    > < NdeII
    > < MflI
    > < MboI
    > < DpnII
    >< DpnI
    > < BstYI
    > < BspAI
    > < SspI
    >< AlwI >< Bsp143I
    >< HphI
TTCCGTTCTGA GATCCTAAAA CATCTGAAAT ATTAGACATT TCACCTTGCT CTTTGGGGG TGTAAGTGTA
  23180      23190      23200      23210      23220      23230      23240

    >< ScrFI
    >< MvaI
    >< EcoRII
    >< Ecl136I
    >< DsaV
    >< BstOI
    >< BstNI
    >< BsiLI
    >< ApyI
    >< Tru9I
    >< MseI
    >< HpaI
    >< HindII
    >< Eco57I
    >< BsgI
    >< HincII
ATTACACCTG GAACAAATGC TTCATCTGAA GTTGCTGTTT TATATCAAGA TGTAACTGC ACTGATGTTT
  23250      23260      23270      23280      23290      23300      23310

    >< Sau3AI
    >< NlaIII
    >< NdeII
    >< MboI
    >< DpnII
    >< DpnI
    >< HinPII

```

```

>< BspWI                      >< Hin6I
    >< BspAI                    > < HhaI                      PleI ><
>< SfcI                        >< Bsp143I    >< AluI> < CfoI          >< BsrI
CTACAGCAAT TCATGCAGAT CAACTCACAC CAGCTTGGCG CATATATTCT ACTGGAAACA ATGTATTCCA
    23320      23330      23340      23350      23360      23370      23380

                                >< TthHB8I
                                >< TagI
                                >< SalI
                                >< RtrI
                                >< NspI
                                >< EspI >< NspHI
                                >< DdeI >< NlaIII
                                >< CelII >< HindII
                                >< Bpu102I>< HincII
>< HinfI                      >< AluI    >< AccI
GACTCAAGCA GGCTGTCTTA TAGGAGCTGA GCATGTCGAC ACTTCTTATG AGTGCGACAT TCCTATTGGA
    23390      23400      23410      23420      23430      23440      23450

                                > < SnaBI
                                >< ScaI
                                >< RsaI
                                >< RmaI
                                >< MaeII >< MaeI
                                > < Eco105I
                                >< Csp6I
                                > < BsaAI
                                >< AfaI
>< AluI.    >< MaeI
GCTGGCATT TGTGCTAGTTA CCATACAGTT TCTTTATTAC GTAGTACTAG CCAAAAATCT ATTGTGGCTT
    23460      23470      23480      23490      23500      23510      23520

                                >< MunI
ATACTATGTC TTTAGGTGCT GATAGTTCAA TTGCTTACTC TAATAACACC ATTGCTATAC CTACTAACTT
    23530      23540      23550      23560      23570      23580      23590

                                RsaI ><
                                >< MnlI
                                Csp6I ><
                                AfaI ><
>< SfcI
TTCAATTAGC ATTACTACAG AAGTAATGCC TGTTCCTATG GCTAAACCT CCGTAGATTG TAATATGTAC
    23600      23610      23620      23630      23640      23650      23660

                                > < TfiI
                                > < HinfI
>< AciI                      > < AluI
ATCTGCGGAG ATTCTACTGA ATGTGCTAAT TTGCTTCTCC AATATGGTAG CTTTGCACA CAACTAAATC
    23670      23680      23690      23700      23710      23720      23730

>< VneI
    >< SduI
    >< NspII
    >< HgiAI
>< SnoI>< DdeI                >< Sau3AI    >< PmlI
    >< Bsp1286I                >< NdeII    >< PmaCI
    >< BmyI                    >< MboI    >< MaeII
    >< BbvI                    >< DpnI    >< Eco72I
                                >< BsaAI
                                >< BbrPI
>< ApaLI                      >< Bsp143I
>< Alw44I                      >< DpnII >< AlwI
    >< Alw21I    >< Fnu4HI    >< BspAI    >< AflIII
GTGCACTCTC AGGTATTGCT GCTGAACAGG ATCGCAACAC ACGTGAAGTG TTCGCTCAAG TCAAACAAAT
    23740      23750      23760      23770      23780      23790      23800

```

FIGURE 13.55

69/83

```

>< RsaI
>< Csp6I
>< AfaI
GTACAAAACC CCAACTTTGA AATATTTTGG TGGTTTAAAT TTTTCACAAA TATTACCTGA CCCTCTAAAG
23810      23820      23830      23840      23850      23860      23870

>< MnlI
>< MnlI
>< DdeI >< MnlI
CCAATAAGA GGTCTTTTAT TGAGGACTTG CTCTTTAATA AGGTGACACT CGCTGATGCT GGCTTCATGA
23880      23890      23900      23910      23920      23930      23940

>< XhoII
>< Sau3AI
>< StyI
>< RmaI
>< MaeI
>< EcoT14I
>< Eco130I
>< BssT1I
>< BsmI
>< BscCI
>< BsaJI
>< BlnI
>< AvrII
AGCAATATGG CGAATGCCTA GGTGATATTA ATGCTAGAGA TCTCATTTGT GCGCAGAAGT TCAATGGACT
23950      23960      23970      23980      23990      24000      24010

>< MnlI
>< BspWI >< BbvI
TACAGTGTG CCACCTCTGC TCACTGATGA TATGATTGCT GCCTACACTG CTGCTCTAGT TAGTGGTACT
24020      24030      24040      24050      24060      24070      24080

>< MboII
>< HinPII
>< Hin6I
>< HhaI
>< HaeII
>< Fnu4HI >< Ksp632I
>< CfoI >< EarI
>< FokI >< BspWI >< Eam1104I
>< BbvI >< Bsp143II
GCCACTGCTG GATGGACATT TGGTGCTGGC GCTGCTCTTC AAATACCTTT TGCTATGCAA ATGGCATATA
24090      24100      24110      24120      24130      24140      24150

>< MaeIII
GGTTCAATGG CATGGAGATT ACCCAAATG TTCTCTATGA GAACCAAAAA CAAATCGCCA ACCAATTTAA
24160      24170      24180      24190      24200      24210      24220

>< TfiI
>< HinfI
CAAGGCGATT AGTCAAATTC AAGAATCACT TACAACAACA TCAACTGCAT TGGGCAAGCT GCAAGACGTT
24230      24240      24250      24260      24270      24280      24290

>< Tru9I
>< MseI
>< HpaI
>< HindII >< BsmI >< Tru9I
>< HincII>< BscCI >< MseI
>< Tru9I >< DdeI
>< MseI >< BfrI
>< MseI >< AluI

```

70/83

```

GTTAACCAGA ATGCTCAAGC ATTAAACACA CTTGTAAAC AACTTAGCTC TAATTTTGGT GCAATTTCAA
 24300      24310      24320      24330      24340      24350      24360

      >< ThaI
      >< SpoI
      >< NruI
      >< MvnI
      >< BstUI      >< TthHB8I
      >< Bsp68I      >< TaqI      >< RsaI
    >< EcoRV >< Bsp50I      >< MnlI      >< Csp6I      >< Tru9I
    >< Eco32I >< AccII >< MnlI      >< AciI>< AfaI      >< MseI
GTGTGCTAAA TGATATCCTT TCGCGACTTG ATAAAGTCGA GCGGAGGTA CAAATTGACA GGTTAATTAC
 24370      24380      24390      24400      24410      24420      24430

      >< MaeIII >< BbvI      >< Fnu4HI      BbvI ><
AGGCAGACTT CAAAGCCTTC AAACCTATGT AACACAACAA CTAATCAGGG CTGCTGAAAT CAGGGCTTCT
 24440      24450      24460      24470      24480      24490      24500

      >< Fnu4HI
      >< BspWI      >< DdeI      >< HindII
      >< BspWI      >< DdeI      >< HincII
GCTAATCTTG CTGCTACTAA AATGTCTGAG TGTGTTCTTG GACAATCAAA AAGAGTTGAC TTTTGTGGAA
 24510      24520      24530      24540      24550      24560      24570

      > < NspI
      > < NspHI
      > < NlaIII
      >< MaeIII
      >< NlaIII
      >< MboII
      >< Fnu4HI >< BbsI      >< FokI
      >< AciI>< BbvI      BsaAI ><
      >< AflIII
AGGGCTACCA CCTTATGTCC TTCCACAAG CAGCCCCGCA TGGTGTGTC TTCCTACATG TCACGTATGT
 24580      24590      24600      24610      24620      24630      24640

      >< ScrFI
      >< MvaI
      >< EcoRII
      >< Ecl136I
      >< BstOI
      >< BstNI      >< HinPII
      >< MnlI >< BslI      >< Hin6I
      >< DsaV>< BsiYI      >< HhaI
      >< BsiLI      >< HaeII
      >< BsaJI>< HphI      >< CfoI      >< NlaIII
      >< ApyI      >< Bsp143II >< BspHI      EcoNI ><
GCCATCCCAG GAGAGGAAGT TCACCACAGC GCCAGCAATT TGTCATGAAG GCAAAGCATA CTTCCCTCGT
 24650      24660      24670      24680      24690      24700      24710

      >< MnlI
      >< BslI      >< Tru9I
      >< BsiYI      >< MseI      >< MnlI
GAAGGTGTTT TTGTGTTTAA TGGCACTTCT TGGTTTATTA CACAGAGGAA CTTCTTTTCT CCACAAATAA
 24720      24730      24740      24750      24760      24770      24780

      >< DdeI      >< Tru9I
      >< BsmAI      >< SfaNI
      >< SfcI      >< Alw26I      >< MseIAlwI ><
TTACTACAGA CAATACATTT GTCTCAGGAA ATTGTGATGT CGTTATTGGC ATCATTAACA ACACAGTTTA
 24790      24800      24810      24820      24830      24840      24850

      >< Sau3AI
      >< NdeII

```

FIGURE 13.57

71/83

```

>< MboI          >< PleI          > < ScaI
>< DpnII         >< MnlI          > < Ksp632I      > < RsaI
  >< DpnI         >< DdeI      >< HinfI      >< MboII
>< BspAI         >< BspWI         > < Eam1104I      >< Csp6I
  >< Bsp143I      >< AluI          > < EarI      > < AluI      > < AfaI      > < HphI
TGATCCTCTG CAACCTGAGC TTGACTCATT CAAAGAAGAG CTGGACAAGT ACTTCAAAAA TCATACATCA
      24860      24870      24880      24890      24900      24910      24920

  >< Sau3AI
  >< NdeII
  >< MboI
>< MamI
  >< DpnII
    >< DpnI
  >< BspAI
    >< Bsp143I
  >< BsiBI
  >< BsaBI          >< Tru9I          >< HindII
    >< MseI          >< HincII          >< AciI ><
CCAGATGTTG ATCTTGCGGA CATTTCAGGC ATTAACGCTT CTGTCGTCAA CATTCAAAAA GAAATTGACC
      24930      24940      24950      24960      24970      24980      24990

          >< Tru9I
            > < TfiI.
          >< MnlI          >< SwaI
  >< EcoNI          >< MseI
    >< BslI          > < HinfI
>< MnlI>< BsiYI      >< DraI
GCCTCAATGA GGTGCGTAAA AATTTAAATG AATCACTCAT TGACCTTCAA GAATTGGGAA AATATGAGCA
      25000      25010      25020      25030      25040      25050      25060

  >< StyI
  >< Pali
  >< HaeIII
  >< EcoT14I
  >< Eco130I
  >< BsuRI
  >< BssTII
  >< Tru9I>< BshI          NlaIII ><
  >< MseI >< BsaJI          MaeIII ><
ATATATTAAA TGGCCTTGGT ATGTTTGGCT CGGCTTCATT GCTGGACTAA TTGCCATCGT CATGGTTACA
      25070      25080      25090      25100      25110      25120      25130

          > < SphI
          > < PaeI
          > < NspI
          > < NspHI
          > < NlaIII
          > < MaeI
          >< MnlI>< BbvI Fnu4HI ><
ATCTTGCTTT GTTGCATGAC TAGTTGTGTC AGTTGCCTCA AGGGTGCATG CTCTTGTGGT TCTTGCTGCA
      25140      25150      25160      25170      25180      25190      25200

          >< FokI
          >< DdeI
>< MnlI >< PleI>< HinfI >< BsrI
AGTTTGATGA GGATGACTCT GAGCCAGTTC TCAAGGGTGT CAAATTACAT TACACATAAA CGAACTTATG
      25210      25220      25230      25240      25250      25260      25270

          >< Sau3AI
          >< NdeII
          >< MboI
          >< DpnII
            > < DpnI

```

72/83

```

>< BspAI
  > < Bsp143I
    >< BsgI      >< AlwI      >< BsrI      BspWI >
GATTTGTTTA TGAGATTTTT TACTCTTGGA TCAATTACTG CACAGCCAGT AAAAATTGAC AATGCTTCTC
25280      25290      25300      25310      25320      25330      25340

  >< ScaI
  >< RsaI
  >< Csp6I      >< SfcI
    >< AfaI      >< NlaIII      >< AciI      >< MnlI      FokI >
CTGCAAGTAC TGTTTCATGCT ACAGCAACGA TACCGCTACA AGCCTCACTC CCTTTCGGAT GGCTTGTTAT
25350      25360      25370      25380      25390      25400      25410

    > < HinP1I
    > < Hin6I
      >< HhaI
      >< HaeII      >< HinP1I      RmaI ><
      >< Eco47III      >< Hin6I      NheI ><
      >< CfoI      >< HhaI      MaeI ><
      >< BspWI      >< Bsp143II      Fnu4HI ><
TGGCGTTGCA TTTCTTGCTG TTTTTCAGAG CGCTACCAAA ATAATTGCGC TCAATAAAAG ATGGCAGCTA
25420      25430      25440      25450      25460      25470      25480

  >< EcoNI
  >< BslI
  >< BsiYI
    >< BbvI      >< BsrI      >< BbvI      > < Fnu4HI      BbvI ><
GCCCTTTATA AGGGCTTCCA GTTCATTTGC AATTTACTGC TGCTATTTGT TACCATCTAT TCACATCTTT
25490      25500      25510      25520      25530      25540      25550

    >< MaeIII
      >< Bsp2I ><
      Ppu10I ><
    > < SfcI      >< HinP1I
      >< PstI      >< Hin6I      NsiI ><
    > < Fnu4HI      >< HhaI      >< RsaI      Mph1103I ><
  >< BspMI      >< MnlI      >< CfoI      >< Csp6I      EcoT22I ><
TGCTTGTCGC TGCAGGTATG GAGGCGCAAT TTTTGTACCT CTATGCCTTG ATATATTTTC TACAATGCAT
25560      25570      25580      25590      25600      25610      25620

  >< SfaNI
  >< NspI
  >< NspHI
  >< NlaIII
    CAACGCATGT AGAATTATTA TGAGATGTTG GCTTTGTTGG AAGTGCAAAT CCAAGAACCC ATTACTTTAT
25630      25640      25650      25660      25670      25680      25690

    >< SfaNI
      >< Bst1107I
      >< AccI      MaeIII ><
GATGCCAACT ACTTTGTTTG CTGGCACACA CATAACTATG ACTACTGTAT ACCATATAAC AGTGTCACAG
25700      25710      25720      25730      25740      25750      25760

    >< MboII
      >< HphI      BstXI ><
    >< MunI >< MaeIII >< MaeIII >< Eco57I >< BbsI MnlI >
ATACAATTGT CGTTACTGAA GGTGACGGCA TTTCAACACC AAAACTCAAA GAAGACTACC AAATTGGTGG
25770      25780      25790      25800      25810      25820      25830

    >< RsaI
      > < NlaIII
      >< HphI
    >< Tru9I >< Tth111I >< Csp6I
  >< DdeI      >< DdeI >< MseI >< AspI >< AfaI

```

FIGURE 13.59

73/83

```

TTATTCTGAG GATAGGCACT CAGGTGTTAA AGACTATGTC GTTGTACATG GCTATTTTCAC CGAAGTTTAC
25840      25850      25860      25870      25880      25890      25900

      > < HinfI>< P1eI      >< BsrI      Tru9I ><
      >< AluI >< AccI      >< SfcI >< AlwNI      >< MboII      MseI ><
TACCAGCTTG AGTCTACACA AATTACTACA GACACTGGTA TTGAAAATGC TACATTCTTC ATCTTTAACA
25910      25920      25930      25940      25950      25960      25970

      > < TthHB8I
      >< Tru9I      >< TaqI      >< Ksp632I
      >< MseI      >< MboII      >< EarI BspWI ><
      >< AluI      >< Eco57I      >< Eam1104I AlwI ><
AGCTTGTTAA AGACCCACCG AATGTGCAAA TACACACAAT CGACGGCTCT TCAGGAGTTG CTAATCCAGC
25980      25990      26000      26010      26020      26030      26040

      >< XhoII
      >< Sau3AI
      >< NlaIV
      >< NdeII
      >< MflI
      >< MboI
      >< DpnII
      >< DpnI
      >< BstYI
      >< BstI
      >< BspAI
      >< Bsp143I
      >< BscBI
      >< BamHI >< AlwI
AATGGATCCA ATTTATGATG AGCCGACGAC GACTACTAGC GTGCCTTTGT AAGCACAAGA AAGTGAGTAC
26050      26060      26070      26080      26090      26100      26110

      > < Tru9I
      >< RsaI
      > < MseI
      >< MboII
      >< MaeII
      >< RsaI
      >< Csp6I
      > < AfaI
      >< Csp6I      >< Tru9I >< Csp6I
      >< AfaI      >< MseI      >< AfaI
GAACTTATGT ACTCATTCGT TTCGGAAGAA ACAGGTACGT TAATAGTTAA TAGCGTACTT CTTTTCTTG
26120      26130      26140      26150      26160      26170      26180

      >< TthHB8I
      >< TaqI
      >< RmaI
      > < MaeIII
      >< MaeI      >< RmaI
      >< FokI      >< MaeI
      >< CfoI >< BbvI > < AfaI
CTTTCGTGGT ATTCTTGCTA GTCACACTAG CCATCCTTAC TGCGCTTCGA TTGTGTGCGT ACTGCTGCAA
26190      26200      26210      26220      26230      26240      26250

      >< Tru9I
      >< MseI
      >< SspI >< MaeII
      >< HpaI
      >< HindII
      >< HincII
      >< Tru9I
      >< ThaI
      >< MvnI
      >< MseI
      >< BstUI
      >< MaeII      >< Bsp50I      >< MboII EarI >
      >< AccI >< AccII      >< Eam1104I >
TATTGTAAAC GTGAGTTTAA TAAAACCAAC GGTTCACGTC TACTCGCGTG TAAAAATCT GAACCTTCTT
26260      26270      26280      26290      26300      26310      26320

```

FIGURE 1360

```

    >< Sau3AI
    >< NdeII
    >< MboI
    >< DpnII
    >< MboII>< DpnI
    >< XmnI >< BspAI> < Eco57I
    >< Asp700I>< Bsp143I
GAAGGAGTTC CTGATCTTCT GGTCTAAACG AACTAACTAT TATTATTATT CTGTTTGGAA CTTTAACATT
    26330      26340      26350      26360      26370      26380      26390

                                >< ScrFI
                                >< MvaI
                                >< EcoRII
                                >< Ecl136I
                                >< DsaV NlaIV ><
                                >< BstOI
                                >< BstNI RmaI ><
                                >< BsiLI MaeI ><
                                >< ApyIBscBI ><
    >< RsaI
    >< MnlI
    >< Csp6I
    >< AfaI
    >< NlaIII
    >< AfaI
    >< AluI
GCTTATCATG GCAGACAACG GTACTATTAC CGTTGAGGAG CTTAAACAAC TCCTGGAACA ATGGAACCTA
    26400      26410      26420      26430      26440      26450      26460

                                >< ScrFI
                                >< RmaI
                                >< MvaI
                                >< MaeI
                                >< EcoRII
                                >< Ecl136I
                                >< DsaV
                                >< BstOI
                                >< BstNI
                                >< BsiLI
                                >< ApyI >< MaeIII
GTAATAGGTT TCCTATTCCT AGCCTGGATT ATGTTACTAC AATTTGCCTA TTCTAATCGG AACAGGTTTT
    26470      26480      26490      26500      26510      26520      26530

                                >< Pali
                                >< MscI
                                >< MnlI >< MaeIII
                                >< HaeIII
                                >< EaeI
                                >< BsuRI
                                >< BsrI
                                >< BspWI
                                >< BshI
                                >< BalI
                                >< BbvI Fnu4HI ><
    >< RsaI
    >< Csp6I >< HindIII
    >< AfaI >< AluI
TGTACATAAT AAAGCTTGTT TTCCTCTGGC TCTTGTGGCC AGTAACACTT GCTTGTTTTG TGCTTGCTGC
    26540      26550      26560      26570      26580      26590      26600

                                >< VspI
                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< HphI
    >< SfcI >< AsnI >< BsrI
    >< AccI >< AseI>< MaeIII>< AciI
TGTCTACAGA ATTAATTGGG TGACTGGCGG GATTGCGATT GCAATGGCTT GTATTGTAGG CTTGATGTGG
    26610      26620      26630      26640      26650      26660      26670

>< EspI
>< Eco57I
>< DdeI
>< CeliI
>< Bpu1102I
                                >< RsaI
                                >< Csp6I

```

FIGURE 13.61

75/83

```

>< BfrI
>< AluI
CTTAGCTACT TCGTTGCTTC CTTCAGGCTG TTTGCTCGTA CCCGCTCAAT GTGGTCATTC AACCCAGAAA
26680      26690      26700      26710      26720      26730      26740

>< AfaI
>< AciI
MboII >
>< ScrFI
>< NciI
>< MspI
>< HpaII
>< HapII
>< DsaV>< MnlI
>< BslI
>< BsiYI
>< BsaJI >< MunI
>< BcnI >< MaeIII >< AciI >< NlaIII
>< XcmI
CAAACATTCT TCTCAATGTG CCTCTCCGGG GGACAATTGT GACCAGACCG CTCATGGAAA GTGAACCTGT
26750      26760      26770      26780      26790      26800      26810

Tru9I ><
SinI >
Sau96I >
PpuMI >
NspIV >
MseI ><
>< MaeIII
>< RmaI >< HaeII
>< MaeI Eco0109I >
>< HinPIIEco47I >
>< Pali
>< MspI
>< HpaII
>< HapII
>< HaeIII
>< GdiII
>< EaeI
>< BsuRI
>< BshI
>< BspAI
>< Bsp143I
>< BsiQI
>< BclI
>< BspMI
>< BspAI
>< Bsp143I
>< XmnI
>< Asp700I >< HgaI Fnu4HI ><
GACCTGCCAA AAGAGATCAC TGTGGCTACA TCACGAACGC TTTCTTATTA CAAATTAGGA GCGTCGCAGC
26820      26830      26840      26850      26860      26870      26880

>< Sau3AI
>< NdeII
>< MboI
>< DpnII
>< DpnI
>< BspAI
>< Bsp143I
>< BsiQI
>< BclI
>< BspMI
>< BspAI
>< Bsp143I
>< XmnI
>< Asp700I >< HgaI Fnu4HI ><
GACCTGCCAA AAGAGATCAC TGTGGCTACA TCACGAACGC TTTCTTATTA CAAATTAGGA GCGTCGCAGC
26820      26830      26840      26850      26860      26870      26880

>< TfiI
>< HinfI
>< BbvI
>< BbvI
>< Fnu4HI >< AciI
>< Tru9I
>< MseI
GTGTAGGCAC TGATTCAGGT TTTGCTGCAT ACAACCGCTA CCGTATTGGA AACTATAAAT TAAATACAGA
26960      26970      26980      26990      27000      27010      27020

>< MspI
>< HpaII
>< HapII
>< Cfr10I
>< BcgI/a
>< RsaI
>< RmaI
>< Csp6I
>< MaeI>< BcgI
>< AfaI >< MaeIII
HindII ><
HincII ><

```

```

CCACGCCGGT AGCAACGACA ATATTGCTTT GCTAGTACAG TAAGTGACAA CAGATGTTTC ATCTTGTTGA
  27030      27040      27050      27060      27070      27080      27090

  >< ScrFI
  >< MvaI
    >< MaeIII
  >< EcoRII
  >< Ecl136I
  >< DsaV
  >< BstOI
  >< BstNI
  >< BsiLI
  >< ApyI
                                >< MnlI
                                HinfI ><
CTTCCAGGTT ACAATAGCAG AGATATTGAT TATCATTATG AGGACTTTCA GGATTGCTAT TTGGAATCTT
  27100      27110      27120      27130      27140      27150      27160

                                >< BsmAI
                                >< Tru9I
                                > < MnlI
  >< MaeII
                                >< Alw26I
                                >< MseI
                                >< DdeI
                                >< MboII
GACGTTATAA TAAGTTCAAT AGTGAGACAA TTATTTAAGC CTCTAACTAA GAAGAATTAT TCGGAGTTAG
  27170      27180      27190      27200      27210      27220      27230

                                >< Ksp632I
                                >< MboII
                                >< EarI
                                >< NlaIII Eam1104I ><
  >< MboII
ATGATGAAGA ACCTATGGAG TTAGATTATC CATAAAACGA ACATGAAAAT TATTCTCTTC CTGACATTGA
  27240      27250      27260      27270      27280      27290      27300

                                > < RsaI >< RsaI
                                >< Csp6I >< Csp6I
                                > < AluI
                                >< MnlI
                                > < AfaI >< AfaI
TTGTATTTAC ATCTTGCGAG CTATATCACT ATCAGGAGTG TGTTAGAGGT ACGACTGTAC TACTAAAAGA
  27310      27320      27330      27340      27350      27360      27370

                                >< MnlI
                                >< HphI
                                >< HphI
                                >< MnlI
ACCTTGCCCCA TCAGGAACAT ACGAGGGCAA TTCACCATTT CACCCTCTTG CTGACAATAA ATTTGCACTA
  27380      27390      27400      27410      27420      27430      27440

                                Sau3AI >
                                > < PvuII
                                > < Psp5I
                                > < NspBII
                                >< TthHB8I
                                >< TaqI
                                >< RsaI
                                >< Csp6I
                                >< BbvI
                                >< AfaI
                                > < AluI
  >< RmaI
  >< MaeI
ACTTGCACTA GCACACACTT TGCTTTTGCT TGTGCTGACG GTACTCGACA TACCTATCAG CTGCGTGCAA
  27450      27460      27470      27480      27490      27500      27510

                                >< SstI
                                >< SduI
                                >< SacI
                                >< NspII
                                >< HgiAI
                                >< Eco24I
                                > < Ecl136II
                                >< BspWI
                                >< Bsp1286I
                                >< BmyI
                                >< BanII
                                >< Alw21I

  >< HphI
  >< DpnI
                                >< MnlI

```

FIGURE 13. 63

77/83

```

>< Bsp143I          >< MnlI          > < AluI      BbvI ><
GATCAGTTTC ACCAAACTT TTCATCAGAC AAGAGGAGGT TCAACAAGAG CTCTACTCGC CACTTTTTCT
27520      27530      27540      27550      27560      27570      27580

                                     SstI ><
                                     SduI ><
                                     SacI ><
                                     NspII ><
                                     HgiAI ><
                                     Eco24I ><
                                     Ecl136II ><
                                     Bsp1286I ><
                                     BmyI ><
                                     BanII ><
                                     Alw21I ><
                                     AluI ><
>< Fnu4HI          >< MaeI          >< MseI          >< Tru9I          >< Tru9I
CATTGTTGCT GCTCTAGTAT TTTTAATACT TTGCTTCACC ATTAAGAGAA AGACAGAATG AATGAGCTCA
27590      27600      27610      27620      27630      27640      27650

>< Tru9I          >< Tru9I
>< MseI          >< MseI
CTTTAATTGA CTTCTATTTG TGCTTTTTAG CCTTTCTGCT ATTCCTTGTT TTAATAATGC TTATTATATT
27660      27670      27680      27690      27700      27710      27720

>< XhoII
>< XbaI
> < ScrFI
>< Sau3AI
>< RmaI
>< NdeII
> < MvaI
>< MflI
>< MboI
>< EcoRII>< MaeI
> < Ecl136I
>< DpnII
>< DpnI
>< BstYI
> < BstOI
> < BstNI
>< TthHB8I >< BspAI          > < RsaI
>< DsaV>< Bsp143I          >< MboII
> < BsiI
>< Csp6I
>< TaqI > < ApyI > < AlwI > < AfaI          >< NlaIII
TTGGTTTTCA CTCGAAATCC AGGATCTAGA AGAACCTTGT ACCAAAGTCT AAACGAACAT GAAACTTCTC
27730      27740      27750      27760      27770      27780      27790

                                     >< HinP1I
                                     >< Hin6I
                                     >< HhaI
                                     >< RsaI >< HaeII
>< SfcI          >< Eco47III
>< Csp6I>< CfoI   SfaNI ><
>< AfaI >< Bsp143II
ATTGTTTTGA CTTGTATTTT TCTATGCAGT TGCATATGCA CTGTAGTACA GCGCTGTGCA TCTAATAAAC
27800      27810      27820      27830      27840      27850      27860

>< XhoII
>< Sau3AI
>< NdeII
> < MnlI
>< MflI

```

78/83

```

    >< MboI
    >< DpnII
        >< DpnI        >< RsaI
        >< BstYI    >< MboII
    >< NlaIII>< BspAI    >< Csp6I >< RmaI
    >< AlwI >< Bsp143I    >< AfaI >< MaeI
CTCATGTGCT TGAAGATCCT TGTAAGGTAC AACACTAGGG GTAATACTTA TAGCACTGCT TGGCTTTGTG
    27870      27880      27890      27900      27910      27920      27930

    >< SduI
    >< RmaI
    >< NspII
    >< MaeI
    >< HgiAI
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< Alw21I
    >< NspI
    >< NspHI
    >< NlaIII >< MaeIII
CTCTAGGAAA GGTTTTACCT TTTCATAGAT GGCACACTAT GGTTCAAACA TGCACACCTA ATGTTACTAT
    27940      27950      27960      27970      27980      27990      28000

    > < XhoII
    > < Sau3AI > < Van91I
        >< PvuII
        >< Psp5I
    > < NdeII > < PflMI
    > < MflI>< NspBII
    > < DpnII        >< HinP1I
        >< Bsp143I    >< Hin6I
    > < BstYI > < BslI >< HhaI >< RmaI >< Asp718 >< Eco91I
    > < BspAI > < BsiYI>< CfoI >< MaeI >< AfaI >< BstPI
    > < MboI>< AluI>< BspWI >< BspWI >< AccB1I >< BstEII
    >< AlwI >< DpnI > < AccB7I >< AluI >< Acc65I >< BbvI
CAACTGTCAA GATCCAGCTG GTGGTGCCTG TATAGCTAGG TGTGTGTACC TTCATGAAGG TCACCAAAC
    28010      28020      28030      28040      28050      28060      28070

    >< SinI
    >< Sau96I
    >< NspIV
    NspHII ><
    NlaIV ><
    >< Eco47I
    >< Cfr13I
    >< BsiZI
    BscBI ><
    >< Bme18I
    >< AvaII
    >< AsuI
    >< RsaI
    >< Fnu4HI    >< MaeII
    >< Esp3I    >< Csp6I    >< Tru9I
    >< BsmAI    >< BsmBI    >< MseI    >< Tru9I
    >< Alw26I    >< AfaI    >< DraI    >< MseI
GCTGCATTTA GAGACGTACT TGTTGTTTAA AATAAACGAA CAAATTAAAA TGTCTGATAA TGGACCCCAA
    28080      28090      28100      28110      28120      28130      28140

    >< SinI
    >< Sau96I
    >< NspIV
    >< NspHII
    >< NlaIV
    >< Eco47I
    >< Cfr13I
    >< BsiZI
    >< BscBI
    >< Bme18I
    >< AvaII
    >< AsuI
    >< SduI
    >< NspII
    >< Bsp1286I
    >< BmyI
    >< MaeII    >< AciI
    >< SinI
    >< Sau96I
    >< NspIV
    >< NspHII
    >< NlaIV
    >< Eco47I
    >< Cfr13I
    >< BsiZI
    >< BscBI
    >< Bme18I
    >< AvaII >< TfiI
    >< AsuI >< HinfI
    >< MnlI

```

FIGURE 13. 65

79/83

```

TCAAACCAAC GTAGTGCCCC CCGCATTACA TTTGGTGGAC CCACAGATTC AACTGACAAT AACCAGAATG
  28150      28160      28170      28180      28190      28200      28210

      >< HinPII >< StyI
      >< HaeII
      > < Pali >< Hin6I >< EcoT14I
      > < HaeIII >< HhaI>< Eco130I
      >< BspWI >< BssT1I
      > < BsuRI >< Bsp143II
      >< HgaI> < BshI >< CfoI>< BsaJI >< HgaI
GAGGACGCAA TGGGGCAAGG CCAAAACAGC GCCGACCCCA AGGTTTACCC AATAATACTG CGTCTTGTT
  28220      28230      28240      28250      28260      28270      28280

      >< TthHB8I
      > < ScrFI
      >< Pali
      >< PaeR7I
      >< NspIII
      > < MvaI
      >< HaeIII
      >< EcoRII
      >< Eco88I
      >< XhoI > < Ecl136I
      >< DsaV
      >< BsuRI
      >< SlaI > < BstOI
      >< MnlI>< TagI> < BstNI
      >< CcrI > < BsiLI
      >< HinfI >< BshI
      >< TfiI>< BcoI>< BsaJI
      >< MnlI >< DdeI >< AvaI > < ApyI
      >< AluI >< DdeI > < NlaIII >< BfrI >< Ama87I >< MnlI
CACAGCTCTC ACTCAGCATG GCAAGGAGGA ACTTAGATTC CCTCGAGGCC AGGGCGTTCC AATCAACACC
  28290      28300      28310      28320      28330      28340      28350

      >< Sini
      >< Sau96I
      >< NspIV
      >< NspHII
      >< Eco47I
      >< Cfr13I
      >< BsiZI
      >< Bme18I
      >< AvaII
      >< AsuI
      > < Ksp632I
      > < Eam1104I
      > < EarI > < AluI>< MboII
AATAGTGGTC CAGATGACCA AATTGGCTAC TACCGAAGAG CTACCCGACG AGTTCGTGGT GGTGACGGCA
  28360      28370      28380      28390      28400      28410      28420

      >< MaeIII
      >< SstI
      >< SduI
      >< SacI
      >< NspII
      >< HgiAI
      >< EspI
      >< Eco24I
      >< Ecl136II
      >< DdeI
      >< CelII
      >< Bsp1286I
      >< Bpu1102I
      >< BmyI
      >< BanII
      >< StyI
      >< RmaI
      >< MaeI
      >< EcoT14I
      >< Eco130I
      >< BssT1I
      >< BsaJI
      >< BsiZI
      >< Sau96I
      >< Pali
      >< NspIV
      >< HaeIII
      >< Cfr13I
      >< BsuRI
      > < BsrI
      >< RsaI
      >< BsaJI
      >< BsiZI

```

80/83

```

    >< Alw21I    >< Csp6I    >< BlnI    >< BshI>< HindIII
>< HphI >< AluI    >< AfaI    >< AvrII    >< AsuI    >< AluI
AAATGAAAGA GCTCAGCCCC AGATGGTACT TCTATTACCT AGGAACTGGC CCAGAAGCTT CACTTCCCTA
28430      28440      28450      28460      28470      28480      28490

>< HinP1I
>< Hin6I
>< HhaI
>< HaeII
>< CfoI          > < MnlI    >< NlaIV
>< Bsp143II      >< SfaNI >< DdeI >< BscBI
CGGCGCTAAC AAAGAAGGCA TCGTATGGGT TGCAACTGAG GGAGCCTTGA ATACACCCAA AGACCACATT
28500      28510      28520      28530      28540      28550      28560

>< NlaIV
>< Eco64I
>< BscBI
>< BanI
>< AciI
>< AccB1I >< BbvI    >< Fnu4HI          >< MnlI
GGCACCCGCA ATCCTAATAA CAATGCTGCC ACCGTGCTAC AACTTCCTCA AGGAACAACA TTGCCAAAAG
28570      28580      28590      28600      28610      28620      28630

                                >< ThaI
                                >< MnlI
                                >< MaeII >< MvnI
                                BstUI ><
                                >< MnlI
                                >< Ksp632I Bsp50I ><
                                >< BspWI    >< EarI    >< BsaAI>< AciI
>< MnlI    >< MnlI    >< AciI>< MboII    >< Eam1104I AccII ><
GCTTCTACGC AGAGGGAAGC AGAGGCGGCA GTCAAGCCTC TTCTCGCTCC TCATCACGTA GTCGCGGTAA
28640      28650      28660      28670      28680      28690      28700

                                >< ScrFI
                                >< MvaI
                                >< EcoRII
                                >< Ecl136I
                                >< DsaV>< Fnu4HI
                                >< BstOI
                                >< BstNI
                                >< BsiLI
                                >< ApyI          >< BbvI    >< TaqI    >< AciI
TTCAGAAAT TCAACTCCTG GCAGCAGTAG GGGAAATTCT CCTGCTCGAA TGGCTAGCG AGGTGGTGAA
28710      28720      28730      28740      28750      28760      28770

> < ThaI
> < MvnI
>< HphI >< MnlI
> < HinP1I
> < Hin6I
>< HhaI
> < BstUI    >< RmaI
> < Bsp50I    >< MaeI
>< BbvI >< CfoI>< Fnu4HI
> < AccII>< BspWI          >< AluI
ACTGCCCTCG CGCTATTGCT GCTAGACAGA TTGAACCAAGC TTGAGAGCAA AGTTTCTGGT AAAGGCCAAC
28780      28790      28800      28810      28820      28830      28840

                                RsaI ><
                                >< MnlI
                                MaeII ><
                                BsuRI ><
                                BshI ><

                                > < PalI>< MaeIII
                                > < HaeIII
                                > < BsuRI    >< DdeI
                                >< Fnu4HI
                                >< DdeI
                                Csp6I ><

```

FIGURE 13.67

> < BshI	> < BbvI	>< MnlI ><	BspWI	>< SfaNI	AfaI ><	
AACAACAAGG	CCAAACTGTC	ACTAAGAAAT	CTGCTGCTGA	GGCATCTAAA	AAGCCTCGCC	AAAAACGTAC
28850	28860	28870	28880	28890	28900	28910

```
>< Tth111I
>< SinI
>< Sau96I
>< NspIV
>< NspHII
```

>> RsaI		>> BsmBI	
>> MaeIII		>> BsiZI	>> StyI
>> MaeII	>> Esp3I	>> BmeI8I	>> EcoT14I
>> Csp6I	>> BsmAI	>> AvaII	>> Eco130I
>> AfaI	>> Alw26I>	>> AsuI	>> BssT1I
CGCCACAAAA	CAGTACAACG	TCACTCAAGC	ATTTGGGAGA
28920	28930	28940	28950
			>> AspI
			>> BsaJI
			CGTGGTCCAG
			28960
			AACAAACCCA
			28970
			AGGAAATTTC
			28980

```

>< SinI
>< Sau96I
>< NspIV
    >< NspHII
    >< NlaIV
>< Eco47I
>< CfrI3I
>< BsiZI
    >< BscBI
>< BmeI8I
>< AvaII
>< AsuI
                                >< Pali
                                >< HaeIII
                                >< GdiII
                                >< Fnu4HI
                                >< EaeI
                                >< BsuRI
                                >< BshI
                                >< AciI
                                >< BspWI >
GGGGACCAAG ACCTAATCAG ACAAGGAACT GATTACAAAC ATTGGCCGCA AATTGCACAA TTTGCTCCAA
28990      29000      29010      29020      29030      29040      29050

```

>< BsmI			>< NlaIII		
>< BscCI	>< MnlI	>< MaeIII	>< MaeIII		
GTGCCTCTGC	ATTCTTTGGA	ATGTCACGCA	TTGGCATGGA	AGTCACACCT	TCGGAACAT
29060	29070	29080	29090	29100	29110
			>< NlaIII		
			GGCTGACTTA		
			29120		

```
>< XhoII
>< Sau3AI
>< NdeII
>< MflI
>< MboI
      >< FokI
```

```

      >> Tru9I          >> DpnII
    >> NlaIV           > < DpnI
  >> NlaIII           >< BstYI          >> Tth111I
      >> MseI          >< BspAI          >> MaeII
    >> BscBI >> BstXI>< AlwI> < Bsp143I    >> AspI          BspWI ><
TCATGGAGCC ATTAAATTGG ATGACAAAGA TCCACAATTC AAAGACAACG TCATACTGCT GAACAAGCAC
29130      29140      29150      29160      29170      29180      29190

```

EspI ><
 DdeI ><
 CclII ><
 Bpu1102I ><
 AluI ><

>> HgaI
 ATTGACGCAT ACAAACATT CCCACCAACA GAGCCTAAAA AGGACAAAAA GAAAAAGACT GATGAAGCTC
 29200 29210 29220 29230 29240 29250 29260
 Bpu1102I >>
 AluI >>

```

                                >< PleI
    >< Fnu4HI                                >< MboII
    >< BspWI                                >< MboII    >< Ksp632I >< GsuI
    >< BsmAI                                >< MaeIII    >< EarI>< Fnu4HI
    >< Alw26I                                >< HinfI    >< Eam1104I>< BpmI
    >< AciI                                >< Fnu4HI    >< BbvI    >< AciI    >< NlaIII
AGCCTTTGCC GCAGAGACAA AAGAAGCAGC CCACTGTGAC TCTTCTTCCT GCGGCTGACA TGGATGATT
29270      29280      29290      29300      29310      29320      29330

                                >< NlaIII    >< HinfI    NlaIII ><
    >< FokI                                >< AluI    >< TfiI>< DdeI    >< BspHI
CTCCAGACAA CTTCAAAATT CCATGAGTGG AGCTTCTGCT GATTCAACTC AGGCATAAAC ACTCATGATG
29340      29350      29360      29370      29380      29390      29400

                                >< MaeII                                >< AccI
ACCACACAAG GCAGATGGGC TATGTAAACG TTTTCGCAAT TCCGTTTACG ATACATAGTC TACTCTTGTG
29410      29420      29430      29440      29450      29460      29470

                                >< Tru9I
                                >< Tru9I
                                >< MseI
                                >< MseI
    >< XmnI                                >< HpaI
    >< EcoRI>< MaeIII                    >< HindII
    >< Asp700I    >< BsgI                    >< HincII    Tru9I ><
CAGAAATGAAT TCTCGTAACT AAACAGCACA AGTAGGTTTA GTTAACTTTA ATCTCACATA GCAATCTTTA
29480      29490      29500      29510      29520      29530      29540

                                XorII >
                                TthHB8I >
                                TaqI >
                                Sau3AI ><
                                RsaI ><
                                >< ThaIPvuI >
                                NdeII ><
                                >< MnlI
                                >< MvnIMcrI >
                                MboI ><
                                DpnII ><
                                DpnI ><
                                Csp6I ><
                                >< BstUI
                                >< HaeIII BspCI >
                                BspAI ><
                                >< TthHB8I >< Bsp50I
                                >< Pali Bsp143I ><
                                >< BsuRI BsiEI >
                                >< BshIAfaI ><

                                >< MnlI
                                >< MaeIII
ATCAATGTGT AACATTAGGG AGGACTTGAA AGAGCCACCA CATTTTCATC GAGGCCACGC GGAGTACGAT
29550      29560      29570      29580      29590      29600      29610

                                >< TaqI    >< AciI
                                >< MnlI    >< AccII

                                >< SduI
                                >< NspII
                                >< MboII    >< VspI
    >< RsaI                                >< Ksp632I    >< Eco24I    >< Tru9I
    >< Csp6I                                >< RmaI    >< Bsp1286I    >< MseI
    >< AfaI    >< BbvI    >< MaeI    >< EarI    >< BmyI    >< AsnI
    >< AluI>< Eam1104I    >< BanII    >< AseI

```

FIGURE 13.69

83/83

CGAGGGTACA GTGAATAATG CTAGGGAGAG CTGCCTATAT GGAAGAGCCC TAATGTGTAA AATTAATTTT
29620 29630 29640 29650 29660 29670 29680

>< Tru9I >< DdeI

>< MseI >< BfrI

>< NlaIII > < AluI

AGTAGTGCTA TCCCATGTG ATTTTAATAG CTTCTTAGGA GAATGACAAA AAAAAAAAAA AAAAAA
29690 29700 29710 29720 29730 29740

S226CAS108.ST25
SEQUENCE LISTING

<110> INSTITUT PASTEUR

CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

<120> Nouvelle souche de coronavirus associé au SRAS et ses applications

<130> F226CAS108

<160> 75

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 29746

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 1
atattagggtt tttaacctacc caggaaaagc caaccaacct cgatctcttg tagatctggt 60
ctctaaacga actttaaaat ctgtgtagct gtcgctcggc tgcagccta gtgcacctac 120
gcagtataaa caataataaa ttttactgtc gttgacaaga aacgagtaac tcgtccctct 180
tctgcagact gcttacgggt tcgtccgtgt tgcagtcgat catcagcata cctagggtttc 240
gtccgggtgt gaccgaaagg taagatggag agccttggtc ttggtgtcaa cgagaaaaca 300
cacgtccaac tcagtttgcc tgccttcag gttagagacg tgctagtgcg tggcttcggg 360
gactctgtgg aagaggccct atcggaggca cgtgaacacc tcaaaaatgg cacttgtggt 420
ctagtagagc tggaaaaagg cgtactgccc cagcttgaac agccctatgt gttcattaaa 480
cgttctgatg ccttaagcac caatcacggc cacaaggctg ttgagctggt tgcagaaatg 540
gacggcattc agtacggctg tagcgggtata acactgggag tactcgtgcc acatgtgggc 600
gaaaccccaa ttgcataccg caatgttctt cttcgtaaga acggtataaa gggagccggt 660
ggtcatagct atggcatcga tctaaagtct tatgacttag gtgacgagct tggcactgat 720
cccattgaag attatgaaca aaactggaac actaagcatg gcagtgggtgc actccgtgaa 780
ctcactcgtg agctcaatgg aggtgcagtc actcgctatg tcgacaacaa tttctgtggc 840
ccagatgggt accctcttga ttgcatcaaa gattttctcg cacgcgcggg caagtcaatg 900
tgcactcttt ccgaacaact tgattacatc gagtcgaaga gaggtgtcta ctgctgccgt 960

S226CAS108.ST25

gaccatgagc atgaaattgc ctggttcact gagcgctctg ataagagcta cgagcaccag	1020
acacccttcg aaattaagag tgccaagaaa ttgacactt tcaaagggga atgcccaaag	1080
tttgtgtttc ctcttaactc aaaagtcaaa gtcattcaac cacgtgttga aaagaaaaag	1140
actgaggggtt tcatggggcg tatacgctct gtgtaccctg ttgcatctcc acaggagtgt	1200
aacaatatgc acttgtctac cttgatgaaa tgtaatcatt gcgatgaagt ttcatggcag	1260
acgtgcgact ttctgaaagc cacttgtgaa catttgtggca ctgaaaattt agttattgaa	1320
ggacctacta catgtgggta cctacctact aatgctgtag tgaaaatgcc atgtcctgcc	1380
tgtcaagacc cagagattgg acctgagcat agtgttgagc attatcacia ccactcaaac	1440
attgaaactc gactccgcaa gggaggtagg actagatgtt ttggaggctg tgtgtttgcc	1500
tatgttggct gctataataa gcgtgcctac tgggttcctc gtgctagtgc tgatattggc	1560
tcaggccata ctggcattac tggtgacaat gtggagacct tgaatgagga tctccttgag	1620
atactgagtc gtgaacgtgt taacattaac attgttggcg attttcattt gaatgaagag	1680
gttgccatca ttttggcatc tttctctgct tctacaagtg cttttattga cactataaag	1740
agtcttgatt acaagtcttt caaaaccatt gttgagtcct gcggtacta taaagttacc	1800
aagggaaagc ccgtaaaagg tgcttggaac attggacaac agagatcagt tttaacacca	1860
ctgtgtgggt ttccctcaca ggctgctggt gttatcagat caatttttgc gcgcacactt	1920
gatgcagcaa accactcaat tcctgatttg caaagagcag ctgtcaccat acttgatggt	1980
atctctgaac agtcattacg tcttgtcgac gccatgggtt atacttcaga cctgctcacc	2040
aacagtgtca ttattatggc atatgtaact ggtggtcttg tacaacagac ttctcagtgg	2100
ttgtctaate ttttgggcac tactgttgaa aaactcaggc ctatctttga atggattgag	2160
gcgaaactta gtgcaggagt tgaatttctc aaggatgctt gggagattct caaatttctc	2220
attacagggtg tttttgacat cgtcaagggt caaatacagg ttgcttcaga taacatcaag	2280
gatttgttaa aatgcttcat tgatgttggt aacaaggcac tcgaaatgtg cattgatcaa	2340
gtcactatcg ctggcgcaaa gtgtcgatca ctcaacttag gtgaagtctt catcgctcaa	2400
agcaagggac ttaccgtca gtgtatacgt ggcaaggagc agctgcaact actcatgcct	2460
cttaaggcac caaaagaagt aacctttctt gaagggtgatt cacatgacac agtacttacc	2520
tctgaggagg ttgttctcaa gaacggtgaa ctggaagcac tcgagacgcc cgttgatagc	2580
ttcacaaatg gagctatcgt tggcacacca gtctgtgtaa atggcctcat gctcttagag	2640
attaaggaca aagaacaata ctgcgcattg tctcctgggt tactggctac aaacaatgtc	2700
tttcgcttaa aaggggggtgc accaattaaa ggtgtaacct ttggagaaga tactgtttgg	2760
gaagttcaag gttacaagaa tgtgagaatc acatttgagc ttgatgaacg tgttgacaaa	2820
gtgcttaatg aaaagtgtc tgtctacact gttgaatccg gtaccgaagt tactgagttt	2880
gcatgtgttg tagcagaggc tgttgtgaag actttacaac cagtttctga tctccttacc	2940
aacatgggta ttgatcttga tgagtggagt gtagctacat tctacttatt tgatgatgct	3000

S226CAS108.ST25

ggtgaagaaa acttttcatc acgtatgtat tgttcctttt accctccaga tgaggaagaa 3060
 gaggacgatg cagagtgtga ggaagaagaa attgatgaaa cctgtgaaca tgagtacggt 3120
 acagaggatg attatcaagg tctccctctg gaatttggtg cctcagctga aacagttcga 3180
 gttgaggaag aagaagagga agactggctg gatgatacta ctgagcaatc agagattgag 3240
 ccagaaccag aacctacacc tgaagaacca gttaatcagt ttactggtta tttaaaactt 3300
 actgacaatg ttgccattaa atgtgttgac atcgttaagg aggcacaaag tgctaatacct 3360
 atggtgattg taaatgctgc taacatacac ctgaaacatg gtggtggtgt agcaggtgca 3420
 ctcaacaagg caaccaatgg tgccatgcaa aaggagagtg atgattacat taagctaaat 3480
 ggccctctta cagtaggagg gtcttgtttg ctttctggac ataactttgc taagaagtgt 3540
 ctgcatgttg ttggacctaa cctaaatgca ggtgaggaca tccagcttct taaggcagca 3600
 tatgaaaatt tcaattcaca ggacatctta ctgacccat tgttgtcagc aggcataattt 3660
 ggtgctaaac cacttcagtc tttacaagtg tgcgtgcaga cggttcgtac acaggtttat 3720
 attgcagtca atgacaaagc tctttatgag caggttgtca tggattatct tgataacctg 3780
 aagcctagag tggaagcacc taaacaagag gagccacca acacagaaga ttccaaaact 3840
 gaggagaaat ctgtcgtaca gaagcctgtc gatgtgaagc caaaaattaa ggcctgcatt 3900
 gatgaggtta ccacaacact ggaagaaact aagtttctta ccaataagtt actcttgttt 3960
 gctgatataca atggtaagct ttaccatgat tctcagaaca tgcttagagg tgaagatatg 4020
 tctttccttg agaaggatgc accttacatg gtaggtgatg ttatcactag tggtgatatac 4080
 acttgtgttg taataccctc caaaaaggct ggtggcacta ctgagatgct ctcaagagct 4140
 ttgaagaaag tgccagttga tgagtatata accacgtacc ctggacaagg atgtgctggt 4200
 tatacacttg aggaagctaa gactgctctt aagaaatgca aatctgcatt ttatgtacta 4260
 ccttcagaag cacctaagtc taaggaagag attctaggaa ctgtatcctg gaatttgaga 4320
 gaaatgcttg ctcatgctga agagacaaga aaattaatgc ctatatgcat ggatgttaga 4380
 gccataatgg caaccatcca acgtaagtat aaaggaatta aaattcaaga gggcatcggt 4440
 gactatggtg tccgattctt cttttatact agtaaagagc ctgtagcttc tattattacg 4500
 aagctgaact ctctaaatga gccgcttgtc acaatgccaa ttggttatgt gacacatggt 4560
 tttaatcttg aagaggctgc gcgctgtatg cgttctctta aagctcctgc cgtagtgtca 4620
 gtatcatcac cagatgctgt tactacatat aatggatacc tcacttcgtc atcaaagaca 4680
 tctgaggagc actttgtaga aacagtttct ttggctggct cttacagaga ttggtcctat 4740
 tcaggacagc gtacagagtt aggtgttgaa tttcttaagc gtggtgacaa aattgtgtac 4800
 cacactctgg agagccccgt cgagtttcat cttgacggtg aggttctttc acttgacaaa 4860
 ctaaagagtc tcttatccct gcgggaggtt aagactataa aagtgttcac aactgtggac 4920
 aacactaatc tccacacaca gcttgtggat atgtctatga catatggaca gcagtttggt 4980
 ccaacatact tggatggtgc tgatgttaca aaaattaaac ctcatgtaaa tcatgagggt 5040

S226CAS108.ST25

aagacttttct	ttgtactacc	tagtgatgac	acactacgta	gtgaagcttt	cgagtactac	5100
catactcttg	atgagagttt	tcttggtagg	tacatgtctg	ctttaaacca	cacaaagaaa	5160
tggaaatttc	ctcaagttgg	tggtttaact	tcaattaaat	gggctgataa	caattgttat	5220
ttgtctagtg	ttttattagc	acttcaacag	cttgaagtca	aattcaatgc	accagcactt	5280
caagaggctt	attatagagc	ccgtgctggt	gatgctgcta	acttttgtgc	actcatactc	5340
gcttacagta	ataaaactgt	tggcgagctt	ggtgatgtca	gagaaactat	gacccatctt	5400
ctacagcatg	ctaatttgga	atctgcaaag	cgagttctta	atgtggtgtg	taaacattgt	5460
ggtcagaaaa	ctactacctt	aacgggtgta	gaagctgtga	tgtatatggg	tactctatct	5520
tatgataatc	ttaagacagg	tgtttccatt	ccatgtgtgt	gtggtcgtga	tgctacacaa	5580
tatctagtag	aacaagagtc	ttcttttggt	atgatgtctg	caccacctgc	tgagtataaa	5640
ttacagcaag	gtacattctt	atgtgcgaat	gagtacactg	gtaactatca	gtgtggtcat	5700
tacactcata	taactgctaa	ggagaccctc	tatcgtattg	acggagctca	ccttacaaag	5760
atgtcagagt	acaaaggacc	agtgactgat	gttttctaca	aggaaacatc	ttacactaca	5820
accatcaagc	ctgtgtcgtg	taaactcgat	ggagttactt	acacagagat	tgaaccaaaa	5880
ttggatgggt	attataaaaa	ggataatgct	tactatacag	agcagcctat	agaccttgta	5940
ccaactcaac	cattacaaaa	tgcgagtttt	gataatttca	aactcacatg	ttctaacaca	6000
aaatttgctg	atgattttaa	tcaaatgaca	ggcttcacaa	agccagcttc	acgagagcta	6060
tctgtcacat	tcttcccaga	cttgaatggc	gatgtagtgg	ctattgacta	tagacactat	6120
tcagcgagtt	tcaagaaagg	tgctaaatta	ctgcataagc	caattgtttg	gcacattaac	6180
caggctacaa	ccaagacaac	gttcaaacca	aacacttggg	gtttacgttg	tctttggagt	6240
acaaagccag	tagatacttc	aaattcattt	gaagttctgg	cagtagaaga	cacacaagga	6300
atggacaatc	ttgcttgtga	aagtcaacaa	cccacctctg	aagaagtagt	ggaaaatcct	6360
accatacaga	aggaagtcac	agagtgtgac	gtgaaaacta	ccgaagtgtg	aggcaatgtc	6420
atacttaaac	catcagatga	aggtgttaaa	gtaacacaag	agttagggtca	tgaggatctt	6480
atggctgctt	atgtggaaaa	cacaagcatt	accattaaga	aacctaata	gctttcacta	6540
gccttagggt	taaaaacaat	tgccactcat	ggtattgctg	caattaatag	tgttccttgg	6600
agtaaaattt	tggcttatgt	caaaccattc	ttaggacaag	cagcaattac	aacatcaaat	6660
tgcgctaaga	gattagcaca	acgtgtgttt	aacaattata	tgcttatgtg	gtttacatta	6720
ttgttccaat	tgtgtacttt	tactaaaagt	accaattcta	gaattagagc	ttcactacct	6780
acaactattg	ctaaaaatag	tgtaagaggt	gttgctaaat	tatgtttgga	tgccggcatt	6840
aattatgtga	agtcacccaa	attttctaaa	ttgttcacaa	tcgctatgtg	gctattgttg	6900
ttaagtattt	gcttaggttc	tctaactctg	gtaactgctg	cttttggtgt	actcttatct	6960
aattttggtg	ctccttctta	ttgtaatggc	gttagagaat	tgtatcttaa	ttcgtctaac	7020
gttactacta	tggatttctg	tgaagggtct	tttccttgca	gcatttggtt	aagtggatta	7080

S226CAS108.ST25

gactcccttg attcttatcc agctcttgaa accattcagg tgacgatttc atcgtacaag 7140
 ctagacttga caatttttagg tctggccgct gagggtgtt tggcatatat gttgttcaca 7200
 aaattctttt atttatttagg tctttcagct ataatgcagg tgttcttttg ctattttgct 7260
 agtcatttca tcagcaattc ttggctcatg tggtttatca ttagtattgt acaaattggca 7320
 cccgtttctg caatgggttag gatgtacatc ttctttgctt ctttctacta catatggaag 7380
 agctatgttc atatcatgga tgggtgcacc tcttcgactt gcatgatgtg ctataagcgc 7440
 aatcgtgcca cacgcgttga gtgtacaact attgttaatg gcatgaagag atctttctat 7500
 gtctatgcaa atggaggccg tggcttctgc aagactcaca attggaattg tctcaattgt 7560
 gacacatttt gcaactggtag tacattcatt agtgatgaag ttgctcgtga tttgtcactc 7620
 cagtttaaaa gaccaatcaa ccctactgac cagtcacgt atattgttga tagtgttgct 7680
 gtgaaaaatg gcgcgcttca cctctacttt gacaaggctg gtcaaaagac ctatgagaga 7740
 catccgctct cccattttgt caatttagac aatttgagag ctaacaacac taaaggttca 7800
 ctgcctatta atgtcatagt ttttgatggc aagtccaaat gcgacgagtc tgcttctaag 7860
 tctgcttctg tgtactacag tcagctgatg tgccaacctt ttctgttgct tgaccaagct 7920
 cttgtatcag acgttgagaga tagtactgaa gtttccgtta agatgtttga tgcttatgtc 7980
 gacacctttt cagcaacttt tagtgttcct atggaaaaac ttaaggcact tgttgctaca 8040
 gctcacagcg agtttagcaaa ggggtgtagct ttagatgggtg tcctttctac attcgtgtca 8100
 gctgcccagc aagggtgttgt tgataccgat gttgacacaa aggatgttat tgaatgtctc 8160
 aaactttcac atcactctga cttagaagtg acagggtgaca gttgtaacaa tttcatgctc 8220
 acctataata aggttgaaaa catgacgccc agagatcttg gcgcatgtat tgactgtaat 8280
 gcaaggcata tcaatgcccc agtagcaaaa agtcacaatg tttcactcat ctggaatgta 8340
 aaagactaca tgtctttatc tgaacagctg cgtaaacaaa ttcgtagtgc tgccaagaag 8400
 aacaacatac ctttttagact aacttgtgct acaactagac aggttgtcaa tgcataact 8460
 actaaaatct cactcaaggg tggttaagatt gtttagtactt gttttaaact tatgcttaag 8520
 gccacattat tgtgcttctt tgctgcattg gtttgttata tcgttatgcc agtacatata 8580
 ttgtcaatcc atgatgggtta cacaatgaa atcattgggtt acaaagccat tcaggatggt 8640
 gtcactcgtg acatcatttc tactgatgat tgttttgcaa ataaacatgc tggttttgac 8700
 gcatggttta gccagcgtgg tggttcatac aaaaatgaca aaagctgccc tgtagtagct 8760
 gctatcatta caagagagat tggtttcata gtgcctggct taccgggtac tgtgctgaga 8820
 gcaatcaatg gtgacttctt gcattttcta cctcgtgttt ttagtgctgt tggcaacatt 8880
 tgctacacac cttccaaact cattgagtat agtgattttg ctacctctgc ttgcgttctt 8940
 gctgctgagt gtacaatttt taaggatgct atgggcaaac ctgtgccata ttgttatgac 9000
 actaatttgc tagagggttc tatttcttat agtgagcttc gtccagacac tcgttatgtg 9060
 cttatggatg gttccatcat acagtttcct aacacttacc tggagggttc tgttagagta 9120

S226CAS108.ST25

gtaacaactt ttgatgctga gtactgtaga catggtacat gcgaaagggtc agaagtaggt 9180
 atttgcctat ctaccagtgg tagatgggtt ctttaataatg agcattacag agctctatca 9240
 ggagttttct gtggtgttga tgcgatgaat ctcatagcta acatctttac tcctcttggtg 9300
 caacctgtgg gtgcttttaga tgtgtctgct tcagtagtgg ctggtggtat tattgccata 9360
 ttggtgactt gtgctgccta ctactttatg aaattcagac gtgtttttgg tgagtacaac 9420
 catgttggtg ctgctaattg acttttgttt ttgatgtcct tcactatact ctgtctggta 9480
 ccagcttaca gctttctgcc gggagtctac tcagtctttt acttgactt gacattctat 9540
 ttcaccaatg atgtttcatt cttggctcac cttcaatggt ttgccatgtt ttctcctatt 9600
 gtgccttttt ggataacagc aatctatgta ttctgtattt ctctgaagca ctgccattgg 9660
 ttctttaaca actatcttag gaaaagagtc atgtttaatg gagttacatt tagtaccttc 9720
 gaggaggctg ctttgtgtac ctttttgctc aacaaggaaa tgtacctaaa attgcgtagc 9780
 gagacactgt tgccacttac acagtataac aggtatcttg ctctatataa caagtacaag 9840
 tatttcagtg gagccttaga tactaccagc tatcgtgaag cagcttgctg ccacttagca 9900
 aaggctctaa atgacttttag caactcaggt gctgatgttc tctaccaacc accacagaca 9960
 tcaatcactt ctgctgttct gcagagtgggt tttaggaaaa tggcattccc gtcaggcaaa 10020
 gttgaaggggt gcatgggtaca agtaacctgt ggaactacaa ctcttaatgg attgtgggtg 10080
 gatgacacag tatactgtcc aagacatgtc atttgcacag cagaagacat gcttaatcct 10140
 aactatgaag atctgtcat tcgcaaatcc aaccatagct ttcttggttca ggctggcaat 10200
 gttcaacttc gtgttattgg ccattctatg caaaattgtc tgcttaggct taaagttgat 10260
 acttctaacc ctaagacacc caagtataaa tttgtccgta tccaacctgg tcaaactttt 10320
 tcagttctag catgctacaa tgggtcacca tctgggtgtt atcagtgtgc catgagacct 10380
 aatcatacca ttaaagggtt tttccttaat ggatcatgtg gtagtggtgg ttttaacatt 10440
 gattatgatt gcgtgtcttt ctgctatatg catcatatgg agcttccaac aggagtacac 10500
 gctggtactg acttagaagg taaattctat ggtccatttg ttgacagaca aactgcacag 10560
 gctgcaggta cagacacaac cataacatta aatgttttgg catggctgta tgctgctgtt 10620
 atcaatgggtg ataggtgggt tcttaataga ttcaccacta ctttgaatga ctttaacctt 10680
 gtggcaatga agtacaacta tgaacctttg acacaagatc atgttgacat attgggacct 10740
 ctttctgctc aaacaggaat tgccgtctta gatatgtgtg ctgctttgaa agagctgctg 10800
 cagaatggta tgaatggctg tactatcctt ggtagcacta ttttagaaga tgagtttaca 10860
 ccatttgatg ttgttagaca atgctctgggt gttaccttcc aaggtaagtt caagaaaatt 10920
 gtttaagggca ctcatcattg gatgctttta actttcttga catcactatt gattcttggt 10980
 caaagtacac agtggtcact gtttttcttt gtttacgaga atgctttctt gccatttact 11040
 cttggtatta tggcaattgc tgcattgtgt atgctgcttg ttaagcataa gcacgcattc 11100
 ttgtgcttgt ttctgttacc ttctcttgca acagttgctt actttaatat ggtctacatg 11160

S226CAS108.ST25

cctgctagct gggatgatgcg tatcatgaca tggcttgaat tggctgacac tagcttgtct 11220
ggttataggc ttaaggattg tgttatgtat gcttcagctt tagttttgct tattctcatg 11280
acagctcgca ctgtttatga tgatgctgct agacgtgttt ggacactgat gaatgtcatt 11340
acacttgttt acaaagtcta ctatggtaat gctttagatc aagctatttc catgtgggcc 11400
ttagttattt ctgtaacctc taactattct ggtgtcgtta cgactatcat gtttttagct 11460
agagctatag tgtttgtgtg tgttgagtat taccattgt tatttattac tggcaacacc 11520
ttacagtga tcatgcttgt ttattgtttc ttaggctatt gttgctgctg ctactttggc 11580
cttttctgtt tactcaaccg ttacttcagg cttactcttg gtgtttatga ctacttggtc 11640
tctacacaag aatttaggta tatgaactcc caggggcttt tgcctcctaa gagtagtatt 11700
gatgctttca agcttaacat taagttgttg ggtattggag gtaaaccatg tatcaagggt 11760
gctactgtac agtctaaaat gtctgacgta aagtgcacat ctgtgggtact gctctcggtt 11820
cttcaacaac ttagagtaga gtcattctt aaattgtggg cacaatgtgt acaactccac 11880
aatgatattc ttcttgcaaa agacacaact gaagctttcg agaagatggt ttctcttttg 11940
tctgttttgc tatccatgca ggggtgctgta gacattaata ggttgtgca ggaaatgctc 12000
gataaccgtg ctactcttca ggctattgct tcagaattta gttctttacc atcatatgcc 12060
gcttatgcca ctgcccagga ggcctatgag caggctgtag ctaatggtga ttctgaagtc 12120
gttctcaaaa agttaagaa atctttgaat gtggctaaat ctgagtttga ccgtgatgct 12180
gccatgcaac gcaagttgga aaagatggca gatcaggcta tgacccaaat gtacaaacag 12240
gcaagatctg aggacaagag ggcaaaagta actagtgcata tgcaacaat gctcttcact 12300
atgcttagga agcttgataa tgatgcactt aacaacatta tcaacaatgc gcgtgatggt 12360
tgtgttccac tcaacatcat accattgact acagcagcca aactcatggt tgttgtccct 12420
gattatggta cctacaagaa cacttgtgat ggtaacacct ttacatatgc atctgcactc 12480
tgggaaatcc agcaagttgt tgatgcggat agcaagattg ttcaacttag tgaaattaac 12540
atggacaatt caccaaattt ggcttggcct cttattgtta cagctctaag agccaactca 12600
gctgttaaac tacagaataa tgaactgagt ccagtagcac tacgacagat gtcctgtgcg 12660
gctggtacca cacaaacagc ttgtactgat gacaatgcac ttgcctacta taacaattcg 12720
aagggaggta ggtttgtgct ggcattacta tcagaccacc aagatctcaa atgggctaga 12780
ttccctaaga gtgatggtac aggtacaatt tacacagaac tggaaccacc ttgtagggtt 12840
gttacagaca caccaaaagg gcctaaagtg aaatacttgt acttcatcaa aggcttaaac 12900
aacctaata gaggtatggt gctgggcagt ttagctgcta cagtacgtct tcaggctgga 12960
aatgctacag aagtacctgc caattcaact gtgctttcct tctgtgcttt tgcagtagac 13020
cctgctaaag catataagga ttacctagca agtggaggac aaccaatcac caactgtgtg 13080
aagatgttgt gtacacacac tgggtacagga caggcaatta ctgtaacacc agaagctaac 13140
atggaccaag agtccttttg tgggtgcttca tgttgtctgt attgtagatg ccacattgac 13200

S226CAS108.ST25

catccaaatc ctaaaggatt ctgtgacttg aaaggtaagt acgtccaaat acctaccact 13260
tgtgctaata acccagtggg ttttacactt agaaacacag tctgtaccgt ctgcggaatg 13320
tggaaagggt atggctgtag ttgtgaccaa ctccgcgaac ccttgatgca gtctgcggat 13380
gcatcaacgt ttttaaacgg gtttgcggtg taagtgcagc ccgtcttaca ccgtgcggca 13440
caggcactag tactgatgtc gtctacaggg cttttgatat ttacaacgaa aaagttgctg 13500
gttttgcaaa gttcctaaaa actaattgct gtcgcttcca ggagaaggat gaggaaggca 13560
atattattaga ctcttacttt gtagttaaga ggcatactat gtctaactac caacatgaag 13620
agactattta taacttggtt aaagattgtc cagcgggtgc tgtccatgac tttttcaagt 13680
ttagagtaga tggtagacatg gtaccacata tatcacgtca gcgtctaact aaatacacia 13740
tggctgattt agtctatgct ctacgtcatt ttgatgaggg taattgtgat acattaaaag 13800
aaatactcgt cacatacaat tgctgtgatg atgattattt caataagaag gattggtatg 13860
acttcgtaga gaatcctgac atcttacgcg tatatgctaa cttagggtgag cgtgtacgcc 13920
aatcattatt aaagactgta caattctgcg atgctatgcg tgatgcaggc attgtaggcg 13980
tactgacatt agataatcag gatcttaatg ggaactggta cgatttcggt gatttcgtac 14040
aagtagcacc aggtgcgga gttcctattg tggattcata ttactcattg ctgatgccc 14100
tcctcacttt gactagggca ttggctgctg agtcccatat ggatgctgat ctgcgaaaac 14160
cacttattaa gtgggatttg ctgaaatatg attttacgga agagagactt tgtctcttcg 14220
accgttattt taaatattgg gaccagacat accatcccaa ttgtattaac tgtttggatg 14280
atagggtgat ctttcattgt gcaaaacttta atgtgttatt ttctactgtg tttccaccta 14340
caagtttttg accactagta agaaaaatat ttgtagatgg tgttcctttt gttgtttcaa 14400
ctggatacca ttttcgtgag ttaggagtcg tacataatca ggatgtaaac ttacatagct 14460
cgctctcag tttcaaggaa cttttagtgt atgctgctga tccagctatg catgcagctt 14520
ctggcaattt attgctagat aaacgcacta catgcttttc agtagctgca ctaacaaaca 14580
atgttgcttt tcaaactgtc aaacccggta attttaataa agacttttat gactttgctg 14640
tgtctaaagg tttctttaag gaaggaagtt ctgttgaact aaaacacttc ttctttgctc 14700
aggatggcaa cgctgctatc agtgattatg actattatcg ttataatctg ccaacaatgt 14760
gtgatatcag acaactccta ttcgtagttg aagttgttga taaatacttt gattgttacg 14820
atggtggctg tattaatgcc aaccaagtaa tcgttaacaa tctggataaa tcagctgggt 14880
tcccatttaa taaatggggg aaggctagac tttattatga ctcaatgagt tatgaggatc 14940
aagatgcact tttcgcgtat actaagcgta atgtcatccc tactataact caaatgaatc 15000
ttaagtatgc cattagtga aagaatagag ctgcgaccgt agctgggtgtc tctatctgta 15060
gtactatgac aaatagacag tttcatcaga aattattgaa gtcaatagcc gccactagag 15120
gagctactgt ggtaattgga acaagcaagt tttacggtgg ctggcataat atgttaaaaa 15180
ctgtttacag tgatgtagaa actccacacc ttatgggttg ggattatcca aaatgtgaca 15240

S226CAS108.ST25

gagccatgcc taacatgctt aggataatgg cctctcttgt tcttgctcgc aaacataaca 15300
cttgctgtaa cttatcacac cgtttctaca ggtagctaa cgagtgtgcg caagtattaa 15360
gtgagatggg catgtgtggc ggctcactat atgttaaacc aggtggaaca tcatccggtg 15420
atgctacaac tgcttatgct aatagtgtct ttaacatttg tcaagctgtt acagccaatg 15480
taaatgcact tctttcaact gatggtaata agatagctga caagtatgtc cgcaatctac 15540
aacacaggct ctatgagtgt ctctatagaa atagggatgt tgatcatgaa ttcgtggatg 15600
agttttacgc ttacctgcgt aaacatttct ccatgatgat tctttctgat gatgccgttg 15660
tgtgctataa cagtaactat gcggctcaag gtttagtagc tagcattaag aactttaagg 15720
cagttcttta ttatcaaaat aatgtgttca tgtctgaggc aaaatgttg actgagactg 15780
accttactaa aggacctcac gaattttgct cacagcatac aatgctagtt aaacaaggag 15840
atgattacgt gtacctgcct taccagatc catcaagaat attaggcgca ggctgttttg 15900
tcgatgatat tgtcaaaaca gatggtacac ttatgattga aaggttcgtg tctactggcta 15960
ttgatgctta cccacttaca aaacatccta atcaggagta tgctgatgtc tttcacttgt 16020
atttacaata cattagaaag ttacatgatg agcttactgg ccacatgttg gacatgtatt 16080
ccgtaatgct aactaatgat aacacctcac ggtactggga acctgagttt tatgaggcta 16140
tgtacacacc acatacagtc ttgcaggctg taggtgcttg tgtattgtgc aattcacaga 16200
cttcacttcg ttgcggtgcc tgtattagga gaccattcct atgttgcaag tgctgctatg 16260
accatgtcat ttcaacatca cacaattag tgttgctctgt taatccctat gtttgcaatg 16320
ccccaggttg tgatgtcact gatgtgacac aactgtatct aggaggtatg agctattatt 16380
gcaagtcaca taagcctccc attagtttct cattatgtgc taatggtcag gtttttggtt 16440
tatacaaaaa cacatgtgta ggcagtgaca atgtcactga cttcaatgcg atagcaacat 16500
gtgattggac taatgctggc gattacatac ttgccaacac ttgtactgag agactcaagc 16560
ttttcgcagc agaaacgctc aaagccactg aggaaacatt taagctgtca tatggtattg 16620
ccactgtacg cgaagtactc tctgacagag aattgcatct tcatgggag gttggaaaac 16680
ctagaccacc attgaacaga aactatgtct ttactgggta ccgtgtaact aaaaatagta 16740
aagtacagat tggagagtac acctttgaaa aagggtgacta tgggtgatgct gttgtgtaca 16800
gaggtactac gacatacaag ttgaatgttg gtgattactt tgtgttgaca tctcacactg 16860
taatgccact tagtgcacct actctagtgc cacaagagca ctatgtgaga attactggct 16920
tgtacccaac actcaacatc tcagatgagt tttctagcaa tgttgcaaatt tatcaaaagg 16980
tcggcatgca aaagtactct aactccaag gaccacctgg tactggtaag agtcattttg 17040
ccatcggact tgctctctat taccatctg ctcgcatagt gtatacggca tgctctcatg 17100
cagctgttga tgccctatgt gaaaaggcat taaaatattt gcccatagat aaatgtagta 17160
gaatcatacc tgcgcgtgcg cgcgtagagt gttttgataa attcaaagtg aattcaacac 17220
tagaacagta tgttttctgc actgtaaatg cattgccaga aacaactgct gacattgtag 17280

S226CAS108.ST25

tctttgatga	aatctctatg	gctactaatt	atgacttgag	tgttgtcaat	gctagacttc	17340
gtgcaaaaca	ctacgtctat	attggcgatc	ctgctcaatt	accagccccc	cgcacattgc	17400
tgactaaagg	cacactagaa	ccagaatatt	ttaattcagt	gtgcagactt	atgaaaacaa	17460
taggtccaga	catgttcctt	ggaacttgtc	gccgttggtc	tgctgaaatt	gttgacactg	17520
tgagtgcctt	agtttatgac	aataagctaa	aagcacacaa	ggataagtca	gctcaatgct	17580
tcaaaatggt	ctacaaagg	gttattacac	atgatgtttc	atctgcaatc	aacagacctc	17640
aaataggcgt	tgtaagagaa	tttcttacac	gcaatcctgc	ttggagaaaa	gctgttttta	17700
tctcacctta	taattcacag	aacgctgtag	cttcaaaaat	cttaggattg	cctacgcaga	17760
ctgttgattc	atcacagggt	tctgaatatg	actatgtcat	attcacacaa	actactgaaa	17820
cagcacactc	ttgtaatgtc	aaccgcttca	atgtggctat	cacaagggca	aaaattggca	17880
ttttgtgcat	aatgtctgat	agagatcttt	atgacaaact	gcaatttaca	agtctagaaa	17940
taccacgtcg	caatgtggct	acattacaag	cagaaaatgt	aactggactt	tttaaggact	18000
gtagtaagat	cattactggg	cttcattccta	cacaggcacc	tacacacctc	agcgttgata	18060
taaagttcaa	gactgaagga	ttatgtgttg	acataccagg	cataccaaag	gacatgacct	18120
accgtagact	catctctatg	atgggtttca	aaatgaatta	ccaagtcaat	ggttacccta	18180
atatgtttat	cacccgcgaa	gaagctattc	gtcacgttcg	tgcggtgatt	ggctttgatg	18240
tagagggctg	tcatgcaact	agagatgctg	tgggtactaa	cctacctctc	cagctaggat	18300
tttctacagg	tgtaactta	gtagctgtac	cgactgggta	tgttgacact	gaaaataaca	18360
cagaattcac	cagagttaat	gcaaaacctc	caccaggtga	ccagtttaaa	catcttatac	18420
cactcatgta	taaaggcttg	ccctggaatg	tagtgcgtat	taagatagta	caaatgctca	18480
gtgatacact	gaaaggattg	tcagacagag	tcgtgttcgt	cctttgggcg	catggctttg	18540
agcttacatc	aatgaagtac	tttgtcaaga	ttggacctga	aagaacgtgt	tgtctgtgtg	18600
acaaacgtgc	aacttgcttt	tctacttcat	cagatactta	tgcttgcctg	aatcattctg	18660
tgggttttga	ctatgtctat	aaccatttta	tgattgatgt	tcagcagtg	ggctttacgg	18720
gtaaccttca	gagtaaccat	gaccaacatt	gccaggtaca	tggaatgca	catgtggcta	18780
gttgatgatgc	tatcatgact	agatgtttag	cagtccatga	gtgctttggt	aagcgcgttg	18840
attgggtctgt	tgaataccct	attataggag	atgaactgag	ggttaattct	gcttgacaga	18900
aagtacaaca	catgggttg	aagtctgcat	tgcttgctga	taagtttcca	gttcttcatg	18960
acattggaaa	tccaaaggct	atcaagtgtg	tgcttcaggc	tgaagtagaa	tggaagttct	19020
acgatgctca	gccatgtagt	gacaaagctt	acaaaataga	ggaactcttc	tattcttatg	19080
ctacacatca	cgataaattc	actgatgggt	ttgtttgtt	ttggaattgt	aacgttgatc	19140
gttaccagc	caatgcaatt	gtgtgtaggt	ttgacacaag	agtcttgta	aacttgaact	19200
taccaggctg	tgatgggtgt	agtttgatg	tgaataagca	tgcatccac	actccagctt	19260
tcgataaaag	tgcatttact	aatttaaagc	aattgccttt	cttttactat	tctgatagtc	19320

S226CAS108.ST25

cttgtgagtc tcatggcaaa caagtagtgt cggatattga ttatgttcca ctcaaactgt 19380
 ctacgtgtat tacacgatgc aatttaggtg gtgctgtttg cagacaccat gcaaactgagt 19440
 accgacagta cttggatgca tataatatga tgatttctgc tggatttagc ctatggattt 19500
 acaaacaatt tgatacttat aacctgtgga atacatttac caggttacag agtttagaaa 19560
 atgtggctta taatgttgtt aataaaggac actttgatgg acacgccggc gaagcacctg 19620
 tttccatcat taataatgct gtttacacaa aggtagatgg tattgatgtg gagatctttg 19680
 aaaataagac aacacttcct gttaatgttg catttgagct ttgggctaag cgtaacatta 19740
 aaccagtgc agagattaag atactcaata atttgggtgt tgatatcgct gctaatactg 19800
 taatctggga ctacaaaaga gaagccccag cacatgtatc tacaataggt gtctgcacaa 19860
 tgactgacat tgccaagaaa cctactgaga gtgcttggtc ttcacttact gtcttgtttg 19920
 atggtagagt ggaaggacag gtagacctt tttagaaacgc ccgtaatggt gttttaataa 19980
 cagaaggttc agtcaaaggc ctaacacctt caaagggacc agcacaagct agcgtcaatg 20040
 gagtcacatt aattggagaa tcagtaaaaa cacagtttaa ctactttaag aaagtagacg 20100
 gcattattca acagttgcct gaaacctact ttactcagag cagagactta gaggatttta 20160
 agcccagatc acaaattggaa actgactttc tcgagctcgc tatggatgaa ttcatacagc 20220
 gatataagct cgagggtctat gccttcgaac acatcgttta tggagatttc agtcatggac 20280
 aacttggcgg tcttcattta atgataggct tagccaagcg ctcacaagat tcaccactta 20340
 aattagagga ttttatccct atggacagca cagtgaaaaa ttacttcata acagatgcgc 20400
 aaacaggttc atcaaaatgt gtgtgttctg tgattgatct tttacttgat gactttgtcg 20460
 agataataaa gtcacaagat ttgtcagtga tttcaaaagt ggtcaagggtt acaattgact 20520
 atgctgaaat ttcattcatg ctttgggtga aggatggaca tgttgaaacc ttctacccaa 20580
 aactacaagc aagtcaagcg tggcaaccag gtgttgcgat gcctaacttg tacaagatgc 20640
 aaagaatgct tcttgaaaag tgtgaccttc agaattatgg tgaaaatgct gttataccaa 20700
 aaggaataat gatgaatgtc gcaaagtata ctcaactgtg tcaatactta aatacactta 20760
 ctttagctgt accctacaac atgagagtta ttcactttgg tgctggctct gataaaggag 20820
 ttgcaccagg tacagctgtg ctacagacaat ggttgccaac tggcacacta cttgtcgatt 20880
 cagatcttaa tgacttcgtc tccgacgcag attctacttt aattggagac tgtgcaacag 20940
 tacatacggc taataaatgg gaccttatta ttagcgatat gtatgacctt aggaccaaac 21000
 atgtgacaaa agagaatgac tctaaagaag ggtttttcac ttatctgtgt ggatttataa 21060
 agcaaaaact agccctgggt ggttctatag ctgtaaagat aacagagcat tcttggaatg 21120
 ctgaccttta caagcttatg ggccatttct catggtggac agcttttggt acaaattgtaa 21180
 atgcatcatc atcggaagca tttttaattg gggctaacta tcttggaag ccgaaggaaac 21240
 aaattgatgg ctataccatg catgctaact acattttctg gaggaacaca aatcctatcc 21300
 agttgtcttc ctattcactc ttgacatga gcaaatttcc tcttaaatta agaggaactg 21360

S226CAS108.ST25

ctgtaatgtc	tcttaaggag	aatcaaatca	atgatatgat	ttattctctt	ctggaaaaag	21420
gtaggcttat	cattagagaa	aacaacagag	ttgtggtttc	aagtgatatt	cttggttaaca	21480
actaaacgaa	catgtttatt	ttcttattat	ttcttactct	cactagtggg	agtgaccttg	21540
accggtgcac	cacttttgat	gatgttcaag	ctcctaatta	cactcaacat	acttcatcta	21600
tgaggggggt	ttactatcct	gatgaaattt	ttagatcaga	cactctttat	ttaaactcagg	21660
atttatttct	tccattttat	tctaattgta	cagggtttca	tactattaat	catacgtttg	21720
gcaaccctgt	catacctttt	aaggatggta	tttattttgc	tgccacagag	aaatcaaatg	21780
ttgtccgtgg	ttgggttttt	ggttctacca	tgaacaacaa	gtcacagtcg	gtgattatta	21840
ttaacaattc	tactaatgtt	gttatacgag	catgtaactt	tgaattgtgt	gacaaccctt	21900
tctttgctgt	ttctaaacct	atgggtacac	agacacatac	tatgatattc	gataatgcat	21960
ttaattgcac	tttcgagtac	atatctgatg	ccttttcgct	tgatgtttca	gaaaagtcag	22020
gtaattttta	acacttacga	gagtttgtgt	ttaaaaataa	agatgggttt	ctctatgttt	22080
ataagggcta	tcaacctata	gatgtagttc	gtgatctacc	ttctggtttt	aacactttga	22140
aacctatttt	taagttgcct	cttgggtatta	acattacaaa	ttttagagcc	attcttacag	22200
ccttttcacc	tgctcaagac	atttggggca	cgtcagctgc	agcctatttt	gttggctatt	22260
taaagccaac	tacatttatg	ctcaagtatg	atgaaaatgg	tacaatcaca	gatgctgttg	22320
attgttctca	aaatccactt	gctgaactca	aatgctctgt	taagagcttt	gagattgaca	22380
aaggaattta	ccagacctct	aatttcaggg	ttgttccctc	aggagatgtt	gtgagattcc	22440
ctaataattac	aaacttgtgt	ccttttgagg	aggtttttaa	tgctactaaa	ttcccttctg	22500
tctatgcatg	ggagagaaaa	aaaatttcta	attgtgttgc	tgattactct	gtgctctaca	22560
actcaacatt	tttttcaacc	tttaagtgtc	atggcgtttc	tgccactaag	ttgaatgatc	22620
tttgcttctc	caatgtctat	gcagattctt	ttgtagtcaa	gggagatgat	gtaagacaaa	22680
tagcgccagg	acaaactggg	gttattgctg	attataatta	taaattgcca	gatgatttca	22740
tgggttgtgt	ccttgcttgg	aatactagga	acattgatgc	tacttcaact	ggtaattata	22800
attataaata	taggtatctt	agacatggca	agcttagggc	ccttgagaga	gacatatcta	22860
atgtgccttt	ctccccgat	ggcaaaccct	gcacccacc	tgctcttaat	tgttattggc	22920
cattaaatga	ttatgggttt	tacaccacta	ctggcattgg	ctaccaacct	tacagagttg	22980
tagtactttc	ttttgaactt	ttaaatgcac	cggccacggg	ttgtggacca	aaattatcca	23040
ctgaccttat	taagaaccag	tgtgtcaatt	ttaattttaa	tggactcact	ggtactgggtg	23100
tggttaactcc	ttcttcaaag	agatttcaac	catttcaaca	atttggccgt	gatgtttctg	23160
atttcactga	ttccgttcga	gatcctaata	catctgaaat	attagacatt	tcaccttgct	23220
cttttggggg	tgtaagtgtg	attacacctg	gaacaaatgc	ttcatctgaa	gttgctgttc	23280
tatatcaaga	tgtaactgac	actgatgttt	ctacagcaat	tcatgcagat	caactcacac	23340
cagcttggcg	catatattct	actggaaaca	atgtattcca	gactcaagca	ggctgtctta	23400

S226CAS108.ST25

taggagctga gcatgtcgac acttcttatg agtgcgacat tcctattgga gctggcattt 23460
 gtgctagtta ccatacagtt tctttattac gtagtactag ccaaaaatct attgtggctt 23520
 atactatgtc tttaggtgct gatagttcaa ttgcttactc taataacacc attgctatac 23580
 ctactaactt ttcaattagc attactacag aagtaatgcc tgtttctatg gctaaaacct 23640
 ccgtagattg taatatgtac atctgcggag attctactga atgtgctaatt ttgcttctcc 23700
 aatatggtag cttttgcaca caactaaatc gtgcactctc aggtattgct gctgaacagg 23760
 atcgaacac acgtgaagtg ttcgctcaag tcaaacaat gtacaaaacc ccaactttga 23820
 aatattttgg tggttttaat ttttcacaaa tattacctga ccctctaaag ccaactaaga 23880
 ggtcttttat tgaggacttg ctctttaata aggtgacact cgctgatgct ggcttcatga 23940
 agcaatatgg cgaatgccta ggtgatatta atgctagaga tctcatttgt gcgcagaagt 24000
 tcaatggact tacagtgttg ccacctctgc tactgatga tatgattgct gcctacactg 24060
 ctgctctagt tagtggtagt gccactgctg gatggacatt tgggtgctggc gctgctcttc 24120
 aaataccttt tgctatgcaa atggcatata ggttcaatgg cattggagtt acccaaatg 24180
 ttctctatga gaacaaaaa caaatcgcca accaatttaa caaggcgatt agtcaaattc 24240
 aagaatcact tacaacaaca tcaactgcat tgggcaagct gcaagacggt gttaaccaga 24300
 atgctcaagc attaaacaca cttgttaaac aacttagctc taattttggt gcaatttcaa 24360
 gtgtgctaaa tgatatcctt tcgcgacttg ataaagtcga ggcggaggta caaattgaca 24420
 ggttaattac aggcagactt caaagccttc aaacctatgt aacacaacaa ctaatcaggg 24480
 ctgctgaaat cagggttctt gctaactctg ctgctactaa aatgtctgag tgtgttcttg 24540
 gacaatcaaa aagagttgac ttttgtggaa agggctacca ccttatgtcc ttcccacaag 24600
 cagccccgca tgggtgttgct ttccctacatg tcacgtatgt gccatcccag gagagggaact 24660
 tcaccacagc gccagcaatt tgtcatgaag gcaaagcata cttccctcgt gaagggtgtt 24720
 ttgtgtttta tggcacttct tggtttatta cacagaggaa cttcttttct ccacaaataa 24780
 ttactacaga caatacattt gtctcaggaa attgtgatgt cgttattggc atcattaaca 24840
 acacagttta tgatcctctg caacctgagc ttgactcatt caaagaagag ctggacaagt 24900
 acttcaaaaa tcatacatca ccagatgttg atcttggcga catttcaggc attaacgctt 24960
 ctgtcgtcaa cattcaaaaa gaaattgacc gcctcaatga ggtcgctaaa aatttaaagt 25020
 aatcactcat tgaccttcaa gaattgggaa aatatgagca atatattaaa tggccttgg 25080
 atgtttggct cggcttcatt gctggactaa ttgccatcgt catggttaca atcttgcttt 25140
 gttgcatgac tagttgttgc agttgcctca aggggtgatg ctcttgtggt tcttgctgca 25200
 agtttgatga ggatgactct gagccagttc tcaaggggtg caaattacat tacacataaa 25260
 cgaacttatg gatttgttta tgagattttt tactcttgga tcaattactg cacagccagt 25320
 aaaaattgac aatgcttctc ctgcaagtac tgttcatgct acagcaacga taccgctaca 25380
 agcctcactc cctttcggat ggcttggtat tggcgttgca tttcttgctg tttttcagag 25440

S226CAS108.ST25

cgctaccaa ataattgcg tcaataaaag atggcagcta gccctttata agggcttcca 25500
 gttcatttgc aatttactgc tgctatttgt taccatctat tcacatcttt tgcttgctgc 25560
 tgcaggtatg gaggcgcaat ttttgctacct ctatgccttg atatattttc tacaatgcat 25620
 caacgcatgt agaattatta tgagatgttg gctttgttgg aagtgcaa at ccaagaaccc 25680
 attactttat gatgccaa actttgtttg ctggcacaca cataactatg actactgtat 25740
 accatataac agtgtcacag atacaattgt cgttactgaa ggtgacggca tttcaacacc 25800
 aaaactcaaa gaagactacc aaattggtgg ttattctgag gataggcact caggtgttaa 25860
 agactatgtc gttgtacatg gctatttcac cgaagtttac taccagcttg agtctacaca 25920
 aattactaca gacactggta ttgaaaatgc tacattcttc atctttaaca agcttggttaa 25980
 agaccaccg aatgtgcaaa tacacacaat cgacggctct tcaggagttg ctaatccagc 26040
 aatggatcca atttatgatg agccgacgac gactactagc gtgcctttgt aagcacaaga 26100
 aagtgagtac gaacttatgt actcattcgt ttcggaagaa acaggtacgt taatagttaa 26160
 tagcgtactt ctttttcttg ctttcgtggg attcttgcta gtcacactag ccatccttac 26220
 tgcgcttcga ttgtgtcgt actgctgcaa tattgttaac gtgagtttag taaaaccaac 26280
 ggtttacgtc tactcgcgtg ttaaaaatct gaactcttct gaaggagttc ctgatcttct 26340
 ggtctaaacg aactaactat tattattatt ctgtttggaa ctttaacatt gcttatcatg 26400
 gcagacaacg gtactattac cgttgaggag cttaacaac tcctggaaca atggaaccta 26460
 gtaatagggt tcctattcct agcctggatt atgttactac aatttgcta ttctaactcg 26520
 aacagggttt tgtacataat aaagcttgtt ttcctctggc tcttggtggc agtaacactt 26580
 gcttggtttg tgcttgctgc tgtctacaga attaattggg tgactggcgg gattgcgatt 26640
 gcaatggctt gtattgtagg ctgatgtgg cttagctact tcgttgcttc cttcaggctg 26700
 tttgctcgtc cccgctcaat gtggctattc aaccagaaa caaacattct tctcaatgtg 26760
 cctctccggg ggacaattgt gaccagaccg ctcatggaaa gtgaacttgt cattgggtgct 26820
 gtgatcattc gtggctactt gcgaatggcc ggacactccc tagggcgctg tgacattaag 26880
 gacctgcaa aagagatcac tgtggctaca tcacgaacgc tttcttatta caaattagga 26940
 gcgtcgcagc gtgtaggcac tgattcaggt tttgctgcat acaaccgcta ccgtattgga 27000
 aactataaat taaatacaga ccacgccggg agcaacgaca atattgcttt gctagtacag 27060
 taagtgaaa cagatgtttc atcttggtga cttccagggt acaatagcag agatattgat 27120
 tatcattatg aggactttca ggattgctat ttggaatctt gacgttataa taagttcaat 27180
 agtgagaaa ttatttaagc ctctaactaa gaagaattat tcggagttag atgatgaaga 27240
 acctatggag ttagattatc cataaaacga acatgaaaat tattctcttc ctgacattga 27300
 ttgtatttac atcttgcgag ctatatcact atcaggagtg tgtagaggt acgactgtac 27360
 tactaaaaga acctgcca tcaggaacat acgagggcaa ttcaccattt caccctcttg 27420
 ctgacaataa atttgcacta acttgcacta gcacacactt tgcttttgct tgtgctgacg 27480

S226CAS108.ST25

gtactcgaca tacctatcag ctgcgtgcaa gatcagtttc accaaaactt ttcacagac 27540
 aagaggaggt tcaacaagag ctctactcgc cactttttct cattgttgct gctctagtat 27600
 ttttaatact ttgcttcacc attaagagaa agacagaatg aatgagctca ctttaattga 27660
 cttctatttg tgcttttttag cttttctgct attccttggt ttaataatgc ttattatatt 27720
 ttggtttttca ctcgaaatcc aggatctaga agaacctgtg accaaagtct aaacgaacat 27780
 gaaacttctc attgttttga cttgtatttc tctatgcagt tgcataatga ctgtagtaca 27840
 gcgctgtgca tctaataaac ctcatgtgct tgaagatcct tgtaaggtag aacactaggg 27900
 gtaataactta tagcactgct tggctttgtg ctctaggaaa ggttttacct tttcatagat 27960
 ggcacactat ggttcaaaca tgcacaccta atgttactat caactgtcaa gatccagctg 28020
 gtggtgctgct tatagctagg tggttggtacc ttcataaagg tcaccaaact gctgcattta 28080
 gagacgtact tggtgtttta aataaacgaa caaattaaaa tgtctgataa tggaccccaa 28140
 tcaaaccaac gtagtgcccc ccgcattaca tttggtggac ccacagattc aactgacaat 28200
 aaccagaatg gaggacgcaa tggggcaagg ccaaaacagc gccgaccca aggtttaccc 28260
 aataaactg cgtcttggtt cacagctctc actcagcatg gcaaggagga acttagattc 28320
 cctcgaggcc agggcgttcc aatcaacacc aatagtgggtc cagatgacca aattggctac 28380
 taccgaagag ctacccgacg agttcgtggt ggtgacggca aaatgaaaga gctcagcccc 28440
 agatggtact tctattacct aggaactggc ccagaagctt cacttcccta cggcgctaac 28500
 aaagaaggca tcgtatgggt tgcaactgag ggagccttga atacacccaa agaccacatt 28560
 ggcacccgca atcctaataa caatgctgcc accgtgctac aacttcccta aggaacaaca 28620
 ttgccaaaag gcttctacgc agagggaagc agaggcgga gtcaagcctc ttctcgctcc 28680
 tcatcacgta gtcgcggtta ttcaagaaat tcaactcctg gcagcagtag gggaaattct 28740
 cctgctcgaa tggctagcgg aggtggtgaa actgccctcg cgctattgct gctagacaga 28800
 ttgaaccagc ttgagagcaa agtttctggt aaaggccaac aacaacaagg ccaaactgtc 28860
 actaagaaat ctgctgctga ggcattctaa aagcctcgcc aaaaacgtac tgccacaaaa 28920
 cagtacaacg tcaactaagc atttgggaga cgtggtccag acaaaacca aggaaatttc 28980
 ggggaccaag acctaactag acaaggaact gattacaaac attggccgca aattgcacaa 29040
 tttgctcaa gtgcctctgc attcttttga atgtcacgca ttggcatgga agtcacacct 29100
 tcgggaacat ggctgactta tcatggagcc attaaattgg atgacaaaga tccacaattc 29160
 aaagacaacg tcatactgct gaacaagcac attgacgcat acaaaacatt cccaccaaca 29220
 gagcctaaaa aggacaaaaa gaaaaagact gatgaagctc agcctttgcc gcagagacaa 29280
 aagaagcagc ccaactgtgac tcttcttcct gcggctgaca tggatgattt ctccagacaa 29340
 cttcaaaatt ccatgagtgg agcttctgct gattcaactc aggcataaac actcatgatg 29400
 accacacaag gcagatgggc tatgtaaacg ttttcgcaat tccgtttacg atacatagtc 29460
 tactcttggtg cagaatgaat tctcgttaact aaacagcaca agtaggttta gtttaacttta 29520

S226CAS108.ST25

```

atctcacata gcaatcttta atcaatgtgt aacattaggg aggacttgaa agagccacca 29580
cattttcatc gagggcacgc ggagtacgat cgaggggtaca gtgaataatg ctagggagag 29640
ctgcctatat ggaagagccc taatgtgtaa aattaatttt agtagtgcta tcccatgtg 29700
attttaatat cttcttagga gaatgacaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 29746

```

<210> 2

<211> 3945

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<220>

<221> CDS

<222> (89)..(3853)

<223>

<400> 2

```

ttctcttctg gaaaaaggta ggcttatcat tagagaaaac aacagagttg tggtttcaag 60
tgatattctt gttaacaact aaacgaac atg ttt att ttc tta tta ttt ctt 112
                               Met Phe Ile Phe Leu Leu Phe Leu
                               1                               5

```

```

act ctc act agt ggt agt gac ctt gac cgg tgc acc act ttt gat gat 160
Thr Leu Thr Ser Gly Ser Asp Leu Asp Arg Cys Thr Thr Phe Asp Asp
10                               15                               20

```

```

gtt caa gct cct aat tac act caa cat act tca tct atg agg ggg gtt 208
Val Gln Ala Pro Asn Tyr Thr Gln His Thr Ser Ser Met Arg Gly Val
25                               30                               35                               40

```

```

tac tat cct gat gaa att ttt aga tca gac act ctt tat tta act cag 256
Tyr Tyr Pro Asp Glu Ile Phe Arg Ser Asp Thr Leu Tyr Leu Thr Gln
45                               50                               55

```

```

gat tta ttt ctt cca ttt tat tct aat gtt aca ggg ttt cat act att 304
Asp Leu Phe Leu Pro Phe Tyr Ser Asn Val Thr Gly Phe His Thr Ile
60                               65                               70

```

```

aat cat acg ttt ggc aac cct gtc ata cct ttt aag gat ggt att tat 352
Asn His Thr Phe Gly Asn Pro Val Ile Pro Phe Lys Asp Gly Ile Tyr
75                               80                               85

```

```

ttt gct gcc aca gag aaa tca aat gtt gtc cgt ggt tgg gtt ttt ggt 400
Phe Ala Ala Thr Glu Lys Ser Asn Val Val Arg Gly Trp Val Phe Gly
90                               95                               100

```

```

tct acc atg aac aac aag tca cag tcg gtg att att att aac aat tct 448
Ser Thr Met Asn Asn Lys Ser Gln Ser Val Ile Ile Ile Asn Asn Ser
105                               110                               115                               120

```

```

act aat gtt gtt ata cga gca tgt aac ttt gaa ttg tgt gac aac cct 496
Thr Asn Val Val Ile Arg Ala Cys Asn Phe Glu Leu Cys Asp Asn Pro
125                               130                               135

```

S226CAS108.ST25

ttc	ttt	gct	gtt	tct	aaa	ccc	atg	ggt	aca	cag	aca	cat	act	atg	ata	544
Phe	Phe	Ala	Val	Ser	Lys	Pro	Met	Gly	Thr	Gln	Thr	His	Thr	Met	Ile	
			140					145					150			
ttc	gat	aat	gca	ttt	aat	tgc	act	ttc	gag	tac	ata	tct	gat	gcc	ttt	592
Phe	Asp	Asn	Ala	Phe	Asn	Cys	Thr	Phe	Glu	Tyr	Ile	Ser	Asp	Ala	Phe	
		155					160					165				
tcg	ctt	gat	gtt	tca	gaa	aag	tca	ggt	aat	ttt	aaa	cac	tta	cga	gag	640
Ser	Leu	Asp	Val	Ser	Glu	Lys	Ser	Gly	Asn	Phe	Lys	His	Leu	Arg	Glu	
	170					175					180					
ttt	gtg	ttt	aaa	aat	aaa	gat	ggg	ttt	ctc	tat	gtt	tat	aag	ggc	tat	688
Phe	Val	Phe	Lys	Asn	Lys	Asp	Gly	Phe	Leu	Tyr	Val	Tyr	Lys	Gly	Tyr	
185					190				195						200	
caa	cct	ata	gat	gta	gtt	cgt	gat	cta	cct	tct	ggt	ttt	aac	act	ttg	736
Gln	Pro	Ile	Asp	Val	Val	Arg	Asp	Leu	Pro	Ser	Gly	Phe	Asn	Thr	Leu	
				205				210						215		
aaa	cct	att	ttt	aag	ttg	cct	ctt	ggt	att	aac	att	aca	aat	ttt	aga	784
Lys	Pro	Ile	Phe	Lys	Leu	Pro	Leu	Gly	Ile	Asn	Ile	Thr	Asn	Phe	Arg	
			220					225					230			
gcc	att	ctt	aca	gcc	ttt	tca	cct	gct	caa	gac	att	tgg	ggc	acg	tca	832
Ala	Ile	Leu	Thr	Ala	Phe	Ser	Pro	Ala	Gln	Asp	Ile	Trp	Gly	Thr	Ser	
		235					240					245				
gct	gca	gcc	tat	ttt	gtt	ggc	tat	tta	aag	cca	act	aca	ttt	atg	ctc	880
Ala	Ala	Ala	Tyr	Phe	Val	Gly	Tyr	Leu	Lys	Pro	Thr	Thr	Phe	Met	Leu	
	250					255					260					
aag	tat	gat	gaa	aat	ggt	aca	atc	aca	gat	gct	gtt	gat	tgt	tct	caa	928
Lys	Tyr	Asp	Glu	Asn	Gly	Thr	Ile	Thr	Asp	Ala	Val	Asp	Cys	Ser	Gln	
265					270				275						280	
aat	cca	ctt	gct	gaa	ctc	aaa	tgc	tct	gtt	aag	agc	ttt	gag	att	gac	976
Asn	Pro	Leu	Ala	Glu	Leu	Lys	Cys	Ser	Val	Lys	Ser	Phe	Glu	Ile	Asp	
				285					290					295		
aaa	gga	att	tac	cag	acc	tct	aat	ttc	agg	gtt	gtt	ccc	tca	gga	gat	1024
Lys	Gly	Ile	Tyr	Gln	Thr	Ser	Asn	Phe	Arg	Val	Val	Pro	Ser	Gly	Asp	
			300					305					310			
gtt	gtg	aga	ttc	cct	aat	att	aca	aac	ttg	tgt	cct	ttt	gga	gag	gtt	1072
Val	Val	Arg	Phe	Pro	Asn	Ile	Thr	Asn	Leu	Cys	Pro	Phe	Gly	Glu	Val	
		315					320					325				
ttt	aat	gct	act	aaa	ttc	cct	tct	gtc	tat	gca	tgg	gag	aga	aaa	aaa	1120
Phe	Asn	Ala	Thr	Lys	Phe	Pro	Ser	Val	Tyr	Ala	Trp	Glu	Arg	Lys	Lys	
	330					335					340					
att	tct	aat	tgt	gtt	gct	gat	tac	tct	gtg	ctc	tac	aac	tca	aca	ttt	1168
Ile	Ser	Asn	Cys	Val	Ala	Asp	Tyr	Ser	Val	Leu	Tyr	Asn	Ser	Thr	Phe	
345					350				355						360	
ttt	tca	acc	ttt	aag	tgc	tat	ggc	gtt	tct	gcc	act	aag	ttg	aat	gat	1216
Phe	Ser	Thr	Phe	Lys	Cys	Tyr	Gly	Val	Ser	Ala	Thr	Lys	Leu	Asn	Asp	
				365				370						375		
ctt	tgc	ttc	tcc	aat	gtc	tat	gca	gat	tct	ttt	gta	gtc	aag	gga	gat	1264
Leu	Cys	Phe	Ser	Asn	Val	Tyr	Ala	Asp	Ser	Phe	Val	Val	Lys	Gly	Asp	
			380					385					390			
gat	gta	aga	caa	ata	gcg	cca	gga	caa	act	ggt	gtt	att	gct	gat	tat	1312
Asp	Val	Arg	Gln	Ile	Ala	Pro	Gly	Gln	Thr	Gly	Val	Ile	Ala	Asp	Tyr	
		395					400					405				

S226CAS108.ST25

aat Asn	tat Tyr 410	aaa Lys	ttg Leu	cca Pro	gat Asp 415	gat Asp	ttc Phe	atg Met	ggg Gly	tgt Cys	gtc Val 420	ctt Leu	gct Ala	tgg Trp	aat Asn	1360
act Thr 425	agg Arg	aac Asn	att Ile	gat Asp	gct Ala 430	act Thr	tca Ser	act Thr	ggg Gly	aat Asn 435	tat Tyr	aat Asn	tat Tyr	aaa Lys	tat Tyr 440	1408
agg Arg	tat Tyr	ctt Leu	aga Arg	cat His 445	ggc Gly	aag Lys	ctt Leu	agg Arg	ccc Pro 450	ttt Phe	gag Glu	aga Arg	gac Asp	ata Ile 455	tct Ser	1456
aat Asn	gtg Val	cct Pro	ttc Phe 460	tcc Ser	cct Pro	gat Asp	ggc Gly	aaa Lys 465	cct Pro	tgc Cys	acc Thr	cca Pro	cct Pro 470	gct Ala	ctt Leu	1504
aat Asn	tgt Cys	tat Tyr 475	tgg Trp	cca Pro	tta Leu	aat Asn	gat Asp 480	tat Tyr	ggg Gly	ttt Phe	tac Tyr 485	acc Thr	act Thr	act Thr	ggc Gly	1552
att Ile	ggc Gly 490	tac Tyr	caa Gln	cct Pro	tac Tyr	aga Arg 495	gtt Val	gta Val	gta Val	ctt Leu	tct Ser 500	ttt Phe	gaa Glu	ctt Leu	tta Leu	1600
aat Asn 505	gca Ala	ccg Pro	gcc Ala	acg Thr	gtt Val 510	tgt Cys	gga Gly	cca Pro	aaa Lys	tta Leu 515	tcc Ser	act Thr	gac Asp	ctt Leu	att Ile 520	1648
aag Lys	aac Asn	cag Gln	tgt Cys	gtc Val 525	aat Asn	ttt Phe	aat Asn	ttt Phe	aat Asn 530	gga Gly	ctc Leu	act Thr	ggg Gly	act Thr	ggg Gly	1696
gtg Val	tta Leu	act Thr	cct Pro 540	tct Ser	tca Ser	aag Lys	aga Arg	ttt Phe 545	caa Gln	cca Pro	ttt Phe	caa Gln	caa Gln 550	ttt Phe	ggc Gly	1744
cgt Arg	gat Asp	gtt Val 555	tct Ser	gat Asp	ttc Phe	act Thr	gat Asp 560	tcc Ser	gtt Val	cga Arg	gat Asp	cct Pro 565	aaa Lys	aca Thr	tct Ser	1792
gaa Glu 570	ata Ile	tta Leu	gac Asp	att Ile	tca Ser	cct Pro 575	tgc Cys	tct Ser	ttt Phe	ggg Gly	ggg Gly 580	gta Val	agt Ser	gta Val	att Ile	1840
aca Thr 585	cct Pro	gga Gly	aca Thr	aat Asn	gct Ala 590	tca Ser	tct Ser	gaa Glu	gtt Val	gct Ala 595	gtt Val	cta Leu	tat Tyr	caa Gln	gat Asp 600	1888
gtt Val	aac Asn	tgc Cys	act Thr	gat Asp 605	gtt Val	tct Ser	aca Thr	gca Ala	att Ile 610	cat His	gca Ala	gat Asp	caa Gln	ctc Leu	aca Thr 615	1936
cca Pro	gct Ala	tgg Trp	cgc Arg 620	ata Ile	tat Tyr	tct Ser	act Thr	gga Gly 625	aac Asn	aat Asn	gta Val	ttc Phe	cag Gln 630	act Thr	caa Gln	1984
gca Ala	ggc Gly	tgt Cys 635	ctt Leu	ata Ile	gga Gly	gct Ala	gag Glu 640	cat His	gtc Val	gac Asp	act Thr	tct Ser 645	tat Tyr	gag Glu	tgc Cys	2032
gac Asp	att Ile 650	cct Pro	att Ile	gga Gly	gct Ala	ggc Gly 655	att Ile	tgt Cys	gct Ala	agt Ser	tac Tyr 660	cat His	aca Thr	gtt Val	tct Ser	2080
tta Leu 665	tta Leu	cgt Arg	agt Ser	act Thr	agc Ser 670	caa Gln	aaa Lys	tct Ser	att Ile	gtg Val 675	gct Ala	tat Tyr	act Thr	atg Met	tct Ser 680	2128

S226CAS108.ST25

tta ggt gct gat agt tca att gct tac tct aat aac acc att gct ata	2176
Leu Gly Ala Asp Ser Ser Ile Ala Tyr Ser Asn Asn Thr Ile Ala Ile	
685 690 695	
cct act aac ttt tca att agc att act aca gaa gta atg cct gtt tct	2224
Pro Thr Asn Phe Ser Ile Ser Ile Thr Thr Glu Val Met Pro Val Ser	
700 705 710	
atg gct aaa acc tcc gta gat tgt aat atg tac atc tgc gga gat tct	2272
Met Ala Lys Thr Ser Val Asp Cys Asn Met Tyr Ile Cys Gly Asp Ser	
715 720 725	
act gaa tgt gct aat ttg ctt ctc caa tat ggt agc ttt tgc aca caa	2320
Thr Glu Cys Ala Asn Leu Leu Leu Gln Tyr Gly Ser Phe Cys Thr Gln	
730 735 740	
cta aat cgt gca ctc tca ggt att gct gct gaa cag gat cgc aac aca	2368
Leu Asn Arg Ala Leu Ser Gly Ile Ala Ala Glu Gln Asp Arg Asn Thr	
745 750 755 760	
cgt gaa gtg ttc gct caa gtc aaa caa atg tac aaa acc cca act ttg	2416
Arg Glu Val Phe Ala Gln Val Lys Gln Met Tyr Lys Thr Pro Thr Leu	
765 770 775	
aaa tat ttt ggt ggt ttt aat ttt tca caa ata tta cct gac cct cta	2464
Lys Tyr Phe Gly Gly Phe Asn Phe Ser Gln Ile Leu Pro Asp Pro Leu	
780 785 790	
aag cca act aag agg tct ttt att gag gac ttg ctc ttt aat aag gtg	2512
Lys Pro Thr Lys Arg Ser Phe Ile Glu Asp Leu Leu Phe Asn Lys Val	
795 800 805	
aca ctc gct gat gct ggc ttc atg aag caa tat ggc gaa tgc cta ggt	2560
Thr Leu Ala Asp Ala Gly Phe Met Lys Gln Tyr Gly Glu Cys Leu Gly	
810 815 820	
gat att aat gct aga gat ctc att tgt gcg cag aag ttc aat gga ctt	2608
Asp Ile Asn Ala Arg Asp Leu Ile Cys Ala Gln Lys Phe Asn Gly Leu	
825 830 835 840	
aca gtg ttg cca cct ctg ctc act gat gat atg att gct gcc tac act	2656
Thr Val Leu Pro Pro Leu Leu Thr Asp Asp Met Ile Ala Ala Tyr Thr	
845 850 855	
gct gct cta gtt agt ggt act gcc act gct gga tgg aca ttt ggt gct	2704
Ala Ala Leu Val Ser Gly Thr Ala Thr Ala Gly Trp Thr Phe Gly Ala	
860 865 870	
ggc gct gct ctt caa ata cct ttt gct atg caa atg gca tat agg ttc	2752
Gly Ala Ala Leu Gln Ile Pro Phe Ala Met Gln Met Ala Tyr Arg Phe	
875 880 885	
aat ggc att gga gtt acc caa aat gtt ctc tat gag aac caa aaa caa	2800
Asn Gly Ile Gly Val Thr Gln Asn Val Leu Tyr Glu Asn Gln Lys Gln	
890 895 900	
atc gcc aac caa ttt aac aag gcg att agt caa att caa gaa tca ctt	2848
Ile Ala Asn Gln Phe Asn Lys Ala Ile Ser Gln Ile Gln Glu Ser Leu	
905 910 915 920	
aca aca aca tca act gca ttg ggc aag ctg caa gac gtt gtt aac cag	2896
Thr Thr Thr Ser Thr Ala Leu Gly Lys Leu Gln Asp Val Val Asn Gln	
925 930 935	
aat gct caa gca tta aac aca ctt gtt aaa caa ctt agc tct aat ttt	2944
Asn Ala Gln Ala Leu Asn Thr Leu Val Lys Gln Leu Ser Ser Asn Phe	
940 945 950	

S226CAS108.ST25

ggt gca att tca agt gtg cta aat gat atc ctt tcg cga ctt gat aaa Gly Ala Ile Ser Ser Val Leu Asn Asp Ile Leu Ser Arg Leu Asp Lys 955 960 965	2992
gtc gag gcg gag gta caa att gac agg tta att aca ggc aga ctt caa Val Glu Ala Glu Val Gln Ile Asp Arg Leu Ile Thr Gly Arg Leu Gln 970 975 980	3040
agc ctt caa acc tat gta aca caa caa cta atc agg gct gct gaa atc Ser Leu Gln Thr Tyr Val Thr Gln Gln Leu Ile Arg Ala Ala Glu Ile 985 990 995 1000	3088
agg gct tct gct aat ctt gct gct act aaa atg tct gag tgt gtt Arg Ala Ser Ala Asn 1005 Leu Ala Ala Thr Lys 1010 Met Ser Glu Cys Val 1015	3133
ctt gga caa tca aaa aga gtt gac ttt tgt gga aag ggc tac cac Leu Gly Gln Ser Lys 1020 Arg Val Asp Phe Cys 1025 Gly Lys Gly Tyr His 1030	3178
ctt atg tcc ttc cca caa gca gcc ccg cat ggt gtt gtc ttc cta Leu Met Ser Phe Pro 1035 Gln Ala Ala Pro His 1040 Gly Val Val Phe Leu 1045	3223
cat gtc acg tat gtg cca tcc cag gag agg aac ttc acc aca gcg His Val Thr Tyr Val 1050 Pro Ser Gln Glu Arg 1055 Asn Phe Thr Thr Ala 1060	3268
cca gca att tgt cat gaa ggc aaa gca tac ttc cct cgt gaa ggt Pro Ala Ile Cys His 1065 Glu Gly Lys Ala Tyr 1070 Phe Pro Arg Glu Gly 1075	3313
gtt ttt gtg ttt aat ggc act tct tgg ttt att aca cag agg aac Val Phe Val Phe Asn 1080 Gly Thr Ser Trp Phe 1085 Ile Thr Gln Arg Asn 1090	3358
ttc ttt tct cca caa ata att act aca gac aat aca ttt gtc tca Phe Phe Ser Pro Gln 1095 Ile Ile Thr Thr Asp 1100 Asn Thr Phe Val Ser 1105	3403
gga aat tgt gat gtc gtt att ggc atc att aac aac aca gtt tat Gly Asn Cys Asp Val 1110 Val Ile Gly Ile Ile 1115 Asn Asn Thr Val Tyr 1120	3448
gat cct ctg caa cct gag ctt gac tca ttc aaa gaa gag ctg gac Asp Pro Leu Gln Pro 1125 Glu Leu Asp Ser Phe 1130 Lys Glu Glu Leu Asp 1135	3493
aag tac ttc aaa aat cat aca tca cca gat gtt gat ctt ggc gac Lys Tyr Phe Lys Asn 1140 His Thr Ser Pro Asp 1145 Val Asp Leu Gly Asp 1150	3538
att tca ggc att aac gct tct gtc gtc aac att caa aaa gaa att Ile Ser Gly Ile Asn 1155 Ala Ser Val Val Asn 1160 Ile Gln Lys Glu Ile 1165	3583
gac cgc ctc aat gag gtc gct aaa aat tta aat gaa tca ctc att Asp Arg Leu Asn Glu 1170 Val Ala Lys Asn Leu 1175 Asn Glu Ser Leu Ile 1180	3628
gac ctt caa gaa ttg gga aaa tat gag caa tat att aaa tgg cct Asp Leu Gln Glu Leu 1185 Gly Lys Tyr Glu Gln 1190 Tyr Ile Lys Trp Pro 1195	3673
tgg tat gtt tgg ctc ggc ttc att gct gga cta att gcc atc gtc Trp Tyr Val Trp Leu 1200 Gly Phe Ile Ala Gly 1205 Leu Ile Ala Ile Val 1210	3718

S226CAS108.ST25

atg gtt aca atc ttg ctt tgt tgc atg act agt tgt tgc agt tgc	3763
Met Val Thr Ile Leu Leu Cys Cys Met Thr Ser Cys Cys Ser Cys	
1215 1220 1225	
ctc aag ggt gca tgc tct tgt ggt tct tgc tgc aag ttt gat gag	3808
Leu Lys Gly Ala Cys Ser Cys Gly Ser Cys Cys Lys Phe Asp Glu	
1230 1235 1240	
gat gac tct gag cca gtt ctc aag ggt gtc aaa tta cat tac aca	3853
Asp Asp Ser Glu Pro Val Leu Lys Gly Val Lys Leu His Tyr Thr	
1245 1250 1255	
taaacgaact tatggatttg tttatgagat tttttactct tggatcaatt actgcacagc	3913
cagtaaaaat tgacaatgct tctcctgcaa gt	3945

<210> 3
 <211> 1255
 <212> PRT
 <213> CORONAVIRUS

<400> 3

Met Phe Ile Phe Leu Leu Phe Leu Thr Leu Thr Ser Gly Ser Asp Leu	
1 5 10 15	
Asp Arg Cys Thr Thr Phe Asp Asp Val Gln Ala Pro Asn Tyr Thr Gln	
20 25 30	
His Thr Ser Ser Met Arg Gly Val Tyr Tyr Pro Asp Glu Ile Phe Arg	
35 40 45	
Ser Asp Thr Leu Tyr Leu Thr Gln Asp Leu Phe Leu Pro Phe Tyr Ser	
50 55 60	
Asn Val Thr Gly Phe His Thr Ile Asn His Thr Phe Gly Asn Pro Val	
65 70 75 80	
Ile Pro Phe Lys Asp Gly Ile Tyr Phe Ala Ala Thr Glu Lys Ser Asn	
85 90 95	
Val Val Arg Gly Trp Val Phe Gly Ser Thr Met Asn Asn Lys Ser Gln	
100 105 110	
Ser Val Ile Ile Ile Asn Asn Ser Thr Asn Val Val Ile Arg Ala Cys	
115 120 125	
Asn Phe Glu Leu Cys Asp Asn Pro Phe Phe Ala Val Ser Lys Pro Met	
130 135 140	
Gly Thr Gln Thr His Thr Met Ile Phe Asp Asn Ala Phe Asn Cys Thr	
145 150 155 160	

S226CAS108.ST25

Phe Glu Tyr Ile Ser Asp Ala Phe Ser Leu Asp Val Ser Glu Lys Ser
165 170 175

Gly Asn Phe Lys His Leu Arg Glu Phe Val Phe Lys Asn Lys Asp Gly
180 185 190

Phe Leu Tyr Val Tyr Lys Gly Tyr Gln Pro Ile Asp Val Val Arg Asp
195 200 205

Leu Pro Ser Gly Phe Asn Thr Leu Lys Pro Ile Phe Lys Leu Pro Leu
210 215 220

Gly Ile Asn Ile Thr Asn Phe Arg Ala Ile Leu Thr Ala Phe Ser Pro
225 230 235 240

Ala Gln Asp Ile Trp Gly Thr Ser Ala Ala Ala Tyr Phe Val Gly Tyr
245 250 255

Leu Lys Pro Thr Thr Phe Met Leu Lys Tyr Asp Glu Asn Gly Thr Ile
260 265 270

Thr Asp Ala Val Asp Cys Ser Gln Asn Pro Leu Ala Glu Leu Lys Cys
275 280 285

Ser Val Lys Ser Phe Glu Ile Asp Lys Gly Ile Tyr Gln Thr Ser Asn
290 295 300

Phe Arg Val Val Pro Ser Gly Asp Val Val Arg Phe Pro Asn Ile Thr
305 310 315 320

Asn Leu Cys Pro Phe Gly Glu Val Phe Asn Ala Thr Lys Phe Pro Ser
325 330 335

Val Tyr Ala Trp Glu Arg Lys Lys Ile Ser Asn Cys Val Ala Asp Tyr
340 345 350

Ser Val Leu Tyr Asn Ser Thr Phe Phe Ser Thr Phe Lys Cys Tyr Gly
355 360 365

Val Ser Ala Thr Lys Leu Asn Asp Leu Cys Phe Ser Asn Val Tyr Ala
370 375 380

Asp Ser Phe Val Val Lys Gly Asp Asp Val Arg Gln Ile Ala Pro Gly
385 390 395 400

Gln Thr Gly Val Ile Ala Asp Tyr Asn Tyr Lys Leu Pro Asp Asp Phe
405 410 415

Met Gly Cys Val Leu Ala Trp Asn Thr Arg Asn Ile Asp Ala Thr Ser
420 425 430

S226CAS108.ST25

Thr Gly Asn Tyr Asn Tyr Lys Tyr Arg Tyr Leu Arg His Gly Lys Leu
435 440 445

Arg Pro Phe Glu Arg Asp Ile Ser Asn Val Pro Phe Ser Pro Asp Gly
450 455 460

Lys Pro Cys Thr Pro Pro Ala Leu Asn Cys Tyr Trp Pro Leu Asn Asp
465 470 475 480

Tyr Gly Phe Tyr Thr Thr Thr Gly Ile Gly Tyr Gln Pro Tyr Arg Val
485 490 495

Val Val Leu Ser Phe Glu Leu Leu Asn Ala Pro Ala Thr Val Cys Gly
500 505 510

Pro Lys Leu Ser Thr Asp Leu Ile Lys Asn Gln Cys Val Asn Phe Asn
515 520 525

Phe Asn Gly Leu Thr Gly Thr Gly Val Leu Thr Pro Ser Ser Lys Arg
530 535 540

Phe Gln Pro Phe Gln Gln Phe Gly Arg Asp Val Ser Asp Phe Thr Asp
545 550 555 560

Ser Val Arg Asp Pro Lys Thr Ser Glu Ile Leu Asp Ile Ser Pro Cys
565 570 575

Ser Phe Gly Gly Val Ser Val Ile Thr Pro Gly Thr Asn Ala Ser Ser
580 585 590

Glu Val Ala Val Leu Tyr Gln Asp Val Asn Cys Thr Asp Val Ser Thr
595 600 605

Ala Ile His Ala Asp Gln Leu Thr Pro Ala Trp Arg Ile Tyr Ser Thr
610 615 620

Gly Asn Asn Val Phe Gln Thr Gln Ala Gly Cys Leu Ile Gly Ala Glu
625 630 635 640

His Val Asp Thr Ser Tyr Glu Cys Asp Ile Pro Ile Gly Ala Gly Ile
645 650 655

Cys Ala Ser Tyr His Thr Val Ser Leu Leu Arg Ser Thr Ser Gln Lys
660 665 670

Ser Ile Val Ala Tyr Thr Met Ser Leu Gly Ala Asp Ser Ser Ile Ala
675 680 685

Tyr Ser Asn Asn Thr Ile Ala Ile Pro Thr Asn Phe Ser Ile Ser Ile
690 695 700

S226CAS108.ST25

Thr Thr Glu Val Met Pro Val Ser Met Ala Lys Thr Ser Val Asp Cys
705 710 715 720

Asn Met Tyr Ile Cys Gly Asp Ser Thr Glu Cys Ala Asn Leu Leu Leu
725 730 735

Gln Tyr Gly Ser Phe Cys Thr Gln Leu Asn Arg Ala Leu Ser Gly Ile
740 745 750

Ala Ala Glu Gln Asp Arg Asn Thr Arg Glu Val Phe Ala Gln Val Lys
755 760 765

Gln Met Tyr Lys Thr Pro Thr Leu Lys Tyr Phe Gly Gly Phe Asn Phe
770 775 780

Ser Gln Ile Leu Pro Asp Pro Leu Lys Pro Thr Lys Arg Ser Phe Ile
785 790 795 800

Glu Asp Leu Leu Phe Asn Lys Val Thr Leu Ala Asp Ala Gly Phe Met
805 810 815

Lys Gln Tyr Gly Glu Cys Leu Gly Asp Ile Asn Ala Arg Asp Leu Ile
820 825 830

Cys Ala Gln Lys Phe Asn Gly Leu Thr Val Leu Pro Pro Leu Leu Thr
835 840 845

Asp Asp Met Ile Ala Ala Tyr Thr Ala Ala Leu Val Ser Gly Thr Ala
850 855 860

Thr Ala Gly Trp Thr Phe Gly Ala Gly Ala Ala Leu Gln Ile Pro Phe
865 870 875 880

Ala Met Gln Met Ala Tyr Arg Phe Asn Gly Ile Gly Val Thr Gln Asn
885 890 895

Val Leu Tyr Glu Asn Gln Lys Gln Ile Ala Asn Gln Phe Asn Lys Ala
900 905 910

Ile Ser Gln Ile Gln Glu Ser Leu Thr Thr Thr Ser Thr Ala Leu Gly
915 920 925

Lys Leu Gln Asp Val Val Asn Gln Asn Ala Gln Ala Leu Asn Thr Leu
930 935 940

Val Lys Gln Leu Ser Ser Asn Phe Gly Ala Ile Ser Ser Val Leu Asn
945 950 955 960

Asp Ile Leu Ser Arg Leu Asp Lys Val Glu Ala Glu Val Gln Ile Asp
965 970 975

S226CAS108.ST25

Arg Leu Ile Thr Gly Arg Leu Gln Ser Leu Gln Thr Tyr Val Thr Gln
980 985 990

Gln Leu Ile Arg Ala Ala Glu Ile Arg Ala Ser Ala Asn Leu Ala Ala
995 1000 1005

Thr Lys Met Ser Glu Cys Val Leu Gly Gln Ser Lys Arg Val Asp
1010 1015 1020

Phe Cys Gly Lys Gly Tyr His Leu Met Ser Phe Pro Gln Ala Ala
1025 1030 1035

Pro His Gly Val Val Phe Leu His Val Thr Tyr Val Pro Ser Gln
1040 1045 1050

Glu Arg Asn Phe Thr Thr Ala Pro Ala Ile Cys His Glu Gly Lys
1055 1060 1065

Ala Tyr Phe Pro Arg Glu Gly Val Phe Val Phe Asn Gly Thr Ser
1070 1075 1080

Trp Phe Ile Thr Gln Arg Asn Phe Phe Ser Pro Gln Ile Ile Thr
1085 1090 1095

Thr Asp Asn Thr Phe Val Ser Gly Asn Cys Asp Val Val Ile Gly
1100 1105 1110

Ile Ile Asn Asn Thr Val Tyr Asp Pro Leu Gln Pro Glu Leu Asp
1115 1120 1125

Ser Phe Lys Glu Glu Leu Asp Lys Tyr Phe Lys Asn His Thr Ser
1130 1135 1140

Pro Asp Val Asp Leu Gly Asp Ile Ser Gly Ile Asn Ala Ser Val
1145 1150 1155

Val Asn Ile Gln Lys Glu Ile Asp Arg Leu Asn Glu Val Ala Lys
1160 1165 1170

Asn Leu Asn Glu Ser Leu Ile Asp Leu Gln Glu Leu Gly Lys Tyr
1175 1180 1185

Glu Gln Tyr Ile Lys Trp Pro Trp Tyr Val Trp Leu Gly Phe Ile
1190 1195 1200

Ala Gly Leu Ile Ala Ile Val Met Val Thr Ile Leu Leu Cys Cys
1205 1210 1215

Met Thr Ser Cys Cys Ser Cys Leu Lys Gly Ala Cys Ser Cys Gly
1220 1225 1230

S226CAS108.ST25

Ser Cys Cys Lys Phe Asp Glu Asp Asp Ser Glu Pro Val Leu Lys
 1235 1240 1245

Gly Val Lys Leu His Tyr Thr
 1250 1255

<210> 4

<211> 3943

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 4
 ctcttctgga aaaaggtagg cttatcatta gagaaaacaa cagagttgtg gtttcaagtg 60
 atattcttgt taacaactaa acgaacatgt ttattttctt attatttctt actctcacta 120
 gtggtagtga ccttgaccgg tgcaccactt ttgatgatgt tcaagctcct aattacactc 180
 aacatacttc atctatgagg ggggtttact atcctgatga aatttttaga tcagacactc 240
 tttatttaac tcaggattta tttcttccat tttattctaa tgttacaggg tttcatacta 300
 ttaatcatac gtttggcaac cctgtcatac cttttaagga tgggtatttat tttgctgcc 360
 cagagaaatc aaatgttgtc cgtggttggg tttttggtc taccatgaac aacaagtcac 420
 agtcggtgat tattattaac aatttctacta atgttggtat acgagcatgt aactttgaat 480
 tgtgtgacaa ccctttcttt gctgtttcta aacctatggg tacacagaca catactatga 540
 tattcgataa tgcatttaat tgcactttcg agtacatc tgatgccttt tcgcttgatg 600
 tttcagaaaa gtcaggtaat tttaaact tacgagagtt tgtgtttaaa aataaagatg 660
 gggttctcta tgtttataag ggctatcaac ctatagatgt agttcgtgat ctaccttctg 720
 gttttaacac ttgaaacct atttttaagt tgcctcttgg tattaacatt acaaatttta 780
 gagccattct tacagccttt tcacctgctc aagacatttg gggcacgtca gctgcagcct 840
 attttgttgg ctattttaag ccaactacat ttatgctcaa gtatgatgaa aatggtacaa 900
 tcacagatgc tgttgattgt tctcaaaatc cacttgctga actcaaatgc tctgttaaga 960
 gctttgagat tgacaaagga atttaccaga cctctaattt cagggttgtt ccctcaggag 1020
 atgttgtgag attccctaatt attacaaact tgtgtccttt tggagagggt tttaatgcta 1080
 ctaaattccc ttctgtctat gcatgggaga gaaaaaaat ttctaattgt gttgctgatt 1140
 actctgtgct ctacaactca acattttttt caacctttaa gtgctatggc gtttctgcc 1200
 ctaagttgaa tgatctttgc ttctccaatg tctatgcaga ttcttttgta gtcaagggag 1260
 atgatgtaag acaaatacgcg ccaggacaaa ctggtgttat tgctgattat aattataaat 1320
 tgccagatga tttcatgggt tgtgtccttg cttggaatac taggaacatt gatgctactt 1380
 caactggtaa ttataattat aaatataggt atcttagaca tggcaagctt aggccctttg 1440

S226CAS108.ST25

agagagacat	atctaattgtg	cctttctccc	ctgatggcaa	accttgcacc	ccacctgctc	1500
ttaattgtta	ttggccatta	aatgattatg	gtttttacac	cactactggc	attggctacc	1560
aaccttacag	agttgtagta	ctttcttttg	aactttttaa	tgcaccggcc	acggtttgtg	1620
gacaaaaatt	atccactgac	cttattaaga	accagtgtgt	caattttaat	tttaattggac	1680
tcactggtag	tgggtgtgta	actccttctt	caaagagatt	tcaaccattt	caacaatttg	1740
gccgtgatgt	ctctgatttc	actgattccg	ttcgagatcc	taaaacatct	gaaatattag	1800
acatttcacc	ttgctctttt	gggggtgtaa	gtgtaattac	acctggaaca	aatgcttcac	1860
ctgaagtgtc	tgttctatat	caagatgtta	actgcactga	tgtttctaca	gcaatccatg	1920
cagatcaact	cacaccagct	tggcgcatat	attctactgg	aaacaatgta	ttccagactc	1980
aagcaggctg	tcttatagga	gctgagcatg	tcgacacttc	ttatgagtgc	gacattccta	2040
ttggagctgg	catttgtgct	agttaccata	cagtttcttt	attacgtagt	actagccaaa	2100
aatctattgt	ggcttatact	atgtctttag	gtgctgatag	ttcaattgct	tactctaata	2160
acaccattgc	tatacctact	aacttttcaa	ttagcattac	tacagaagta	atgcctgttt	2220
ctatggctaa	aacctccgta	gattgtaata	tgtacatctg	cggagattct	actgaatgtg	2280
ctaatttgct	tctccaatat	ggtagctttt	gcacacaact	aaatcgtgca	ctctcaggta	2340
ttgctgctga	acaggatcgc	aacacacgtg	aagtgttcgc	tcaagtcaaa	caaatgtaca	2400
aaacccaac	tttgaaatat	tttggtggtt	tttaattttc	acaaatatta	cctgaccctc	2460
taaagccaac	taagaggctt	tttattgagg	acttgctctt	taataagggtg	acactcgctg	2520
atgctggctt	catgaagcaa	tatggcgaat	gcctagggtga	tattaatgct	agagatctca	2580
tttgctgcga	gaagttcaat	gggcttacag	tgttgccacc	tctgctcact	gatgatatga	2640
ttgctgccta	cactgctgct	ctagttagtg	gtactgccac	tgctggatgg	acatttggtg	2700
ctggcgctgc	tcttcaaata	ccttttgcta	tgcaaatggc	atatagggtc	aatggcattg	2760
gagttacca	aaatgttctc	tatgagaacc	aaaaacaaat	cgccaaccaa	tttaacaagg	2820
cgattagtca	aattcaagaa	tcacttacaa	caacatcaac	tgcattgggc	aagctgcaag	2880
acgttggtta	ccagaatgct	caagcattaa	acacacttgt	taaacaactt	agctctaatt	2940
ttggtgcaat	ttcaagtgtg	ctaaatgata	tcctttcgcg	acttgataaa	gtcgaggcgg	3000
aggtacaaat	tgacaggcta	attacaggca	gacttcaaag	ccttcaaacc	tatgtaacac	3060
aacaactaat	cagggctgct	gaaatcaggg	cttctgctaa	tcttgctgct	actaaaatgt	3120
ctgagtgtgt	tcttgacaaa	tcaaaaagag	ttgacttttg	tggaaaagggc	taccacctta	3180
tgtccttccc	acaagcagcc	ccgcatgggtg	ttgtcttccc	acatgtcacg	tatgtgccat	3240
cccaggagag	gaacttcacc	acagcgccag	caatttgtca	tgaaggcaaa	gcatacttcc	3300
ctcgtgaagg	tgtttttgtg	tttaattggca	cttcttggtt	tattacacag	aggaacttct	3360
tttctccaca	aataattact	acagacaata	catttgtctc	aggaaattgt	gatgtcgta	3420
ttggcatcat	taacaacaca	gtttatgatc	ctctgcaacc	tgagcttgac	tcattcaaag	3480

S226CAS108.ST25

aagagctgga caagtacttc aaaaatcata catcaccaga tgttgatctt ggcgacattt	3540
caggcattaa cgcttctgtc gtcaacattc aaaaagaaat tgaccgcctc aatgaggtcg	3600
ctaaaaattt aaatgaatca ctcatgacc ttcaagaatt gggaaaatat gagcaatata	3660
ttaaatggcc ttggtatggt tggctcggct tcattgctgg actaattgcc atcgatcatg	3720
ttacaatctt gctttgttgc atgactagtt gttgcagttg cctcaagggt gcatgctctt	3780
gtggttcttg ctgcaagttt gatgaggatg actctgagcc agttctcaag ggtgtcaa	3840
tacattacac ataaacgaac ttatggattt gtttatgaga ttttttactc ttggatcaat	3900
tactgcacag ccagtaaaaa ttgacaatgc ttctcctgca agt	3943

<210> 5

<211> 2049

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 5

ctcttctgga aaaaggtagg cttatcatta gagaaaacaa cagagttgtg gtttcaagt	60
atattcttgt taacaactaa acgaacatgt ttattttctt attatttctt actctcacta	120
gtggtagtga ccttgaccgg tgcaccactt ttgatgatgt tcaagctcct aattacactc	180
aacatacttc atctatgagg ggggtttact atcctgatga aatttttaga tcagacactc	240
tttatttaac tcaggattta tttcttccat ttatttctaa tgttacaggg tttcatacta	300
ttaatcatac gtttggcaac cctgtcatac cttttaagga tgggtatttat ttgctgccca	360
cagagaaatc aaatgttgtc cgtggttggg tttttggttc taccatgaac aacaagtcac	420
agtcggtgat tattattaac aattctacta atgttggtat acgagcatgt aactttgaat	480
tgtgtgacaa ccttttcttt gctgtttcta aacctatggg tacacagaca catactatga	540
tattcgataa tgcatttaac tgcactttcg agtacatata tgatgccttt tcgcttgatg	600
tttcagaaaa gtcaggtaat tttaaacact tacgagagtt tgtgtttaaa aataaagatg	660
ggtttctcta tgtttataag ggctatcaac ctatagatgt agttcgtgat ctaccttctg	720
gttttaacac tttgaaacct atttttaagt tgcctcttgg tattaacatt acaaatttta	780
gagccattct tacagccttt tcacctgctc aagacatttg gggcacgtca gctgcagcct	840
attttggttg ctatttaag ccaactacat ttatgctcaa gtatgatgaa aatggtacaa	900
tcacagatgc tgttgattgt tctcaaaatc cacttgctga actcaaatgc tctgttaaga	960
gctttgagat tgacaaagga atttaccaga cctctaattt cagggttgtt ccctcaggag	1020
atgttgtgag attccctaata attacaaact tgtgtccttt tggagaggtt tttaatgcta	1080
ctaaattccc ttctgtctat gcatgggaga gaaaaaaaat ttctaattgt gttgctgatt	1140
actctgtgct ctacaactca acattttttt caacctttta gtgctatggc gtttctgcca	1200

S226CAS108.ST25

ctaagttgaa tgatctttgc ttctccaatg tctatgcaga ttcttttgta gtcaagggag 1260
 atgatgtaag acaaatagcg ccaggacaaa ctggtgttat tgctgattat aattataaat 1320
 tgccagatga ttcatgggt tgtgtccttg cttggaatac taggaacatt gatgctactt 1380
 caactggtaa ttataattat aaatataggt atcttagaca tggcaagctt aggccctttg 1440
 agagagacat atctaattgtg cttttctccc ctgatggcaa accttgacc ccacctgctc 1500
 ttaattgtta ttggccatta aatgattatg gtttttacac cactactggc attggctacc 1560
 aaccttacag agttgtagta ctttcttttg aacttttaaa tgcaccggcc acggtttggtg 1620
 gaccaaatt atccactgac cttattaaga accagtgtgt caattttaat tttaatggac 1680
 tcaactgtac tgggtgtgtta actccttctt caaagagatt tcaaccattt caacaatttg 1740
 gccgtgatgt ctctgatttc actgattccg ttcgagatcc taaaacatct gaaatattag 1800
 acatttcacc ttgctctttt gggggtgtaa gtgtaattac acctggaaca aatgcttcat 1860
 ctgaagttgc tgttctatat caagatgtta actgcactga tgtttctaca gcaatccatg 1920
 cagatcaact cacaccagct tggcgcatat attctactgg aaacaatgta ttccagactc 1980
 aagcaggctg tcttatagga gctgagcatg tcgacacttc ttatgagtgc gacattccta 2040
 ttggagctg 2049

<210> 6

<211> 2027

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 6
 catgcagatc aactcacacc agcttggcgc atatattcta ctggaaacaa tgtattccag 60
 actcaagcag gctgtcttat aggagctgag catgtcgaca cttcttatga gtgcgacatt 120
 cctattggag ctggcatttg tgctagttac catacagttt ctttattacg tagtactagc 180
 caaaaatcta ttgtggctta tactatgtct ttaggtgctg atagttcaat tgcttactct 240
 aataacacca ttgctatacc tactaacttt tcaattagca ttactacaga agtaatgcct 300
 gtttctatgg ctaaaacctc cgtagattgt aatatgtaca tctgcgagaa ttctactgaa 360
 tgtgctaatt tgcttctcca atatggtagc ttttgcacac aactaaatcg tgcactctca 420
 ggtattgctg ctgaacagga tcgcaacaca cgtgaagtgt tcgctcaagt caaacaatg 480
 tacaaaaccc caactttgaa atattttggt ggttttaatt tttcacaat attacctgac 540
 cctctaaagc caactaagag gtcttttatt gaggacttgc tctttaataa ggtgacactc 600
 gctgatgctg gcttcatgaa gcaatatggc gaatgcctag gtgatattaa tgctagagat 660
 ctcatttggt cgcagaagtt caatgggctt acagtgttgc cacctctgct cactgatgat 720
 atgattgctg cctacactgc tgctctagtt agtgggtactg ccactgctgg atggacattt 780

S226CAS108.ST25

```

ggtgctggcg ctgctcttca aatacctttt gctatgcaaa tggcatatag gttcaatggc 840
attggagtta cccaaaatgt tctctatgag aacccaaaac aaatcgccaa ccaatttaac 900
aaggcgatta gtcaaattca agaatcactt acaacaacat caactgcatt gggcaagctg 960
caagacgttg ttaaccagaa tgctcaagca ttaaacacac ttgttaaaca acttagctct 1020
aatTTTggTg caatttcaag tGTgctaAat gatatccttt cgcgacttga taaagtcgag 1080
gcggaggtac aaattgacag gttaattaca ggcagacttc aaagccttca aacctatgta 1140
acacaacaac taatcagggc tgctgaaatc agggccttctg ctaatcttgc tgctactaaa 1200
atgtctgagt gtgttcttgg acaatcaaaa agagttgact tttgtggaaa gggctaccac 1260
cttatgtcct tcccacaagc agccccgc at ggtgttTgtct tctacatgt cacgtatgtg 1320
ccatcccagg agaggaactt caccacagcg ccagcaattt gtcatgaagg caaagcatac 1380
ttccctcgtg aaggTgtttt tGTgtttAat ggcacttctt ggtttattac acagaggaac 1440
ttcttttctc cacaataat tactacagac aatacatttg tctcaggaaa ttgtgatgtc 1500
gttattggcg tcattaacaa cacagtttat gatcctctgc aacctgagct tgactcattc 1560
aaagaagagc tggacaagta cttcaaaaat catacatcac cagatgttga tcttggcgac 1620
atttcaggca ttaacgcttc tgtcgtcaac attcaaaaag aaattgaccg cctcaatgag 1680
gtcgtcaaaa atttaaatga atcactcatt gaccttcaag aattgggaaa atatgagcaa 1740
tatattaaat ggccttggtg tgtttggctc ggcttcattg ctggactaat tgccatcgtc 1800
atggttacaa tcttgccttg ttgcatgact agttgttgca gttgcctcaa gggTgcatgc 1860
tcttTgtggtt cttgctgcaa gtttgatgag gatgactctg agccagttct caagggTgtc 1920
aaattacatt acacataaac gaacttatgg atttgtttat gagatttttt actcttggat 1980
caattactgc acagccagta aaaattgaca atgcttctcc tgcaagt 2027

```

<210> 7

<211> 1096

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 7

```

tcttgccttg ttgcatgact agttgttgca gttgcctcaa gggTgcatgc tcttTgtggtt 60
cttgcTgcaa gtttgatgag gatgactctg agccagttct caagggTgtc aaattacatt 120
acacataaac gaacttatgg atttgtttat gagatttttt actcttggat caattactgc 180
acagccagta aaaattgaca atgcttctcc tgcaagtact gttcatgcta cagcaacgat 240
accgctacaa gcctcactcc ctttcggatg gcttgttatt ggcgttgcat ttcttgcTgt 300
ttttcagagc gctacaaaaa taattgcgct caataaaaga tggcagctag ccctttataa 360
gggcttccag ttcatTTgca atttactgct gctattTgtt accatctatt cacatctttt 420

```

S226CAS108.ST25

gcttgtcgct gcaggtatgg aggcgcaatt tttgtacctc tatgccttga tatattttct	480
acaatgcatc aacgcatgta gaattattat gagatgttgg ctttgttggg agtgcaaadc	540
caagaaccca ttactttatg atgccaacta ctttgtttgc tggcacacac ataactatga	600
ctactgtata ccatataaca gtgtcacaga tacaattgtc gttactgaag gtgacggcat	660
ttcaacacca aaactcaaag aagactacca aattggtggt tattctgagg ataggcactc	720
aggtgttaaa gactatgtcg ttgtacatgg ctatttcacc gaagtttact accagcttga	780
gtctacacaa attactacag acactgggtat tgaaaatgct acattcttca tctttaacaa	840
gcttgttaaa gaccaccga atgtgcaaac acacacaatc gacggctctt caggagttgc	900
taatccagca atggatccaa tttatgatga gccgacgacg actactagcg tgcctttgta	960
agcacaagaa agtgagtacg aacttatgta ctcattcgtt tcggaagaaa caggtagctt	1020
aatagttaat agcgtacttc tttttcttgc tttcgtggta ttcttgctag tcacactagc	1080
catccttact gcgctt	1096

<210> 8

<211> 1135

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 8	
attgccatcg tcatgggttac aatcttgctt tgttgcacga ctagttgttg cagttgcctc	60
aagggtgcat gctcttgttg ttcttgctgc aagtttgatg aggatgactc tgagccagtt	120
ctcaagggtg tcaaattaca ttacacataa acgaacttat ggatttggtt atgagatttt	180
ttactcttgg atcaattact gcacagccag taaaaattga caatgcttct cctgcaagta	240
ctgttcatgc tacagcaacg ataccgctac aagcctcact ccctttcgga tggcttgta	300
ttggcggttg atttcttgct gtttttcaga gcgctaccaa aataattgag ctcaataaaa	360
gatggcagct agccctttat aagggttcc agttcatttg caatttactg ctgctatttg	420
ttaccatcta ttcacatctt ttgcttgctg ctgcaggtat ggaggcgcaa tttttgtacc	480
tctatgcctt gatataattt ctacaatgca tcaacgcatg tagaattatt atgagatgtt	540
ggctttgttg gaagtgcaaa tccaagaacc cattacttta tgatgccaac tactttgttt	600
gctggcacac acataactat gactactgta taccatataa cagtgtcaca gatacaattg	660
tcgttactga aggtgacggc atttcaacac caaaactcaa agaagactac caaattggtg	720
gttattctga ggataggcac tcaggtgtta aagactatgt cgttgtacat ggctatttca	780
ccgaagttaa ctaccagctt gagtctacac aaattactac agacactggg attgaaaatg	840
ctacattctt catctttaac aagcttggtt aagaccacc gaatgtgcaa atacacacaa	900
tcgacggctc ttcaggagtt gctaattccag caatggatcc aatttatgat gagccgacga	960

S226CAS108.ST25

cgactactag cgtgcctttg taagcacaag aaagtgagta cgaacttatg tactcattcg 1020
 tttcggaaga aacaggtacg ttaatagtta atagcgtact tctttttctt gcttttcgtgg 1080
 tattcttgct agtcacacta gccatcctta ctgcgcttcg attgtgtgcg tactg 1135

<210> 9

<211> 1096

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<220>

<221> CDS

<222> (137)..(958)

<223>

<400> 9

tcttgctttg ttgcatgact agttgttgca gttgcctcaa ggggtgcatgc tcttgtgggtt 60
 cttgctgcaa gtttgatgag gatgactctg agccagttct caagggtgtc aaattacatt 120
 acacataaac gaactt atg gat ttg ttt atg aga ttt ttt act ctt gga tca 172
 Met Asp Leu Phe Met Arg Phe Phe Thr Leu Gly Ser
 1 5 10
 att act gca cag cca gta aaa att gac aat gct tct cct gca agt act 220
 Ile Thr Ala Gln Pro Val Lys Ile Asp Asn Ala Ser Pro Ala Ser Thr
 15 20 25
 gtt cat gct aca gca acg ata ccg cta caa gcc tca ctc cct ttc gga 268
 Val His Ala Thr Ala Thr Ile Pro Leu Gln Ala Ser Leu Pro Phe Gly
 30 35 40
 tgg ctt gtt att ggc gtt gca ttt ctt gct gtt ttt cag agc gct acc 316
 Trp Leu Val Ile Gly Val Ala Phe Leu Ala Val Phe Gln Ser Ala Thr
 45 50 55 60
 aaa ata att gcg ctc aat aaa aga tgg cag cta gcc ctt tat aag ggc 364
 Lys Ile Ile Ala Leu Asn Lys Arg Trp Gln Leu Ala Leu Tyr Lys Gly
 65 70 75
 ttc cag ttc att tgc aat tta ctg ctg cta ttt gtt acc atc tat tca 412
 Phe Gln Phe Ile Cys Asn Leu Leu Leu Leu Phe Val Thr Ile Tyr Ser
 80 85 90
 cat ctt ttg ctt gtc gct gca ggt atg gag gcg caa ttt ttg tac ctc 460
 His Leu Leu Leu Val Ala Ala Gly Met Glu Ala Gln Phe Leu Tyr Leu
 95 100 105
 tat gcc ttg ata tat ttt cta caa tgc atc aac gca tgt aga att att 508
 Tyr Ala Leu Ile Tyr Phe Leu Gln Cys Ile Asn Ala Cys Arg Ile Ile
 110 115 120
 atg aga tgt tgg ctt tgt tgg aag tgc aaa tcc aag aac cca tta ctt 556
 Met Arg Cys Trp Leu Cys Trp Lys Cys Lys Ser Lys Asn Pro Leu Leu
 125 130 135 140

S226CAS108.ST25

tat gat gcc aac tac ttt gtt tgc tgg cac aca cat aac tat gac tac Tyr Asp Ala Asn Tyr Phe Val Cys Trp His Thr His Asn Tyr Asp Tyr 145 150 155	604
tgt ata cca tat aac agt gtc aca gat aca att gtc gtt act gaa ggt Cys Ile Pro Tyr Asn Ser Val Thr Asp Thr Ile Val Val Thr Glu Gly 160 165 170	652
gac ggc att tca aca cca aaa ctc aaa gaa gac tac caa att ggt ggt Asp Gly Ile Ser Thr Pro Lys Leu Lys Glu Asp Tyr Gln Ile Gly Gly 175 180 185	700
tat tct gag gat agg cac tca ggt gtt aaa gac tat gtc gtt gta cat Tyr Ser Glu Asp Arg His Ser Gly Val Lys Asp Tyr Val Val Val His 190 195 200	748
ggc tat ttc acc gaa gtt tac tac cag ctt gag tct aca caa att act Gly Tyr Phe Thr Glu Val Tyr Tyr Gln Leu Glu Ser Thr Gln Ile Thr 205 210 215 220	796
aca gac act ggt att gaa aat gct aca ttc ttc atc ttt aac aag ctt Thr Asp Thr Gly Ile Glu Asn Ala Thr Phe Phe Ile Phe Asn Lys Leu 225 230 235	844
gtt aaa gac cca ccg aat gtg caa ata cac aca atc gac ggc tct tca Val Lys Asp Pro Pro Asn Val Gln Ile His Thr Ile Asp Gly Ser Ser 240 245 250	892
gga gtt gct aat cca gca atg gat cca att tat gat gag ccg acg acg Gly Val Ala Asn Pro Ala Met Asp Pro Ile Tyr Asp Glu Pro Thr Thr 255 260 265	940
act act agc gtg cct ttg taagcacaag aaagtgagta cgaacttatg Thr Thr Ser Val Pro Leu 270	988
tactcattcg tttcgggaaga aacaggtacg ttaatagtta atagcgtact tctttttctt	1048
gcttttcgtgg tatttcttgct agtcacacta gccatcctta ctgcgctt	1096

<210> 10

<211> 274

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 10

Met Asp Leu Phe Met Arg Phe Phe Thr Leu Gly Ser Ile Thr Ala Gln
1 5 10 15

Pro Val Lys Ile Asp Asn Ala Ser Pro Ala Ser Thr Val His Ala Thr
20 25 30

Ala Thr Ile Pro Leu Gln Ala Ser Leu Pro Phe Gly Trp Leu Val Ile
35 40 45

Gly Val Ala Phe Leu Ala Val Phe Gln Ser Ala Thr Lys Ile Ile Ala
50 55 60

S226CAS108.ST25

Leu Asn Lys Arg Trp Gln Leu Ala Leu Tyr Lys Gly Phe Gln Phe Ile
 65 70 75 80
 Cys Asn Leu Leu Leu Leu Phe Val Thr Ile Tyr Ser His Leu Leu Leu
 85 90 95
 Val Ala Ala Gly Met Glu Ala Gln Phe Leu Tyr Leu Tyr Ala Leu Ile
 100 105 110
 Tyr Phe Leu Gln Cys Ile Asn Ala Cys Arg Ile Ile Met Arg Cys Trp
 115 120 125
 Leu Cys Trp Lys Cys Lys Ser Lys Asn Pro Leu Leu Tyr Asp Ala Asn
 130 135 140
 Tyr Phe Val Cys Trp His Thr His Asn Tyr Asp Tyr Cys Ile Pro Tyr
 145 150 155 160
 Asn Ser Val Thr Asp Thr Ile Val Val Thr Glu Gly Asp Gly Ile Ser
 165 170 175
 Thr Pro Lys Leu Lys Glu Asp Tyr Gln Ile Gly Gly Tyr Ser Glu Asp
 180 185 190
 Arg His Ser Gly Val Lys Asp Tyr Val Val Val His Gly Tyr Phe Thr
 195 200 205
 Glu Val Tyr Tyr Gln Leu Glu Ser Thr Gln Ile Thr Thr Asp Thr Gly
 210 215 220
 Ile Glu Asn Ala Thr Phe Phe Ile Phe Asn Lys Leu Val Lys Asp Pro
 225 230 235 240
 Pro Asn Val Gln Ile His Thr Ile Asp Gly Ser Ser Gly Val Ala Asn
 245 250 255
 Pro Ala Met Asp Pro Ile Tyr Asp Glu Pro Thr Thr Thr Thr Ser Val
 260 265 270

Pro Leu

<210> 11

<211> 1096

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

S226CAS108.ST25

<220>

<221> CDS

<222> (558)..(1019)

<223>

<400> 11

tcttgctttg ttgcatgact agttgttgca gttgcctcaa gggtgcatgc tcttgtggtt	60
cttgctgcaa gtttgatgag gatgactctg agccagttct caagggtgtc aaattacatt	120
acacataaac gaacttatgg atttgtttat gagatttttt actcttggat caattactgc	180
acagccagta aaaattgaca atgcttctcc tgcaagtact gttcatgcta cagcaacgat	240
accgctacaa gcctcactcc ctttcggatg gcttgttatt ggcgttgcat ttcttgctgt	300
ttttcagagc gctacaaaaa taattgcgct caataaaaaga tggcagctag ccttttataa	360
gggcttccag ttcatttgca atttactgct gctatttggt accatctatt cacatctttt	420
gcttgtcgct gcaggtatgg aggcgcaatt tttgtacctc tatgccttga tatattttct	480
acaatgcatac aacgcatgta gaattattat gagatgttgg ctttgttgga agtgcaaatac	540
caagaaccaca ttacttt atg atg cca act act ttg ttt gct ggc aca cac	590
Met Met Pro Thr Thr Leu Phe Ala Gly Thr His	
1 5 10	
ata act atg act act gta tac cat ata aca gtg tca cag ata caa ttg	638
Ile Thr Met Thr Thr Val Tyr His Ile Thr Val Ser Gln Ile Gln Leu	
15 20 25	
tcg tta ctg aag gtg acg gca ttt caa cac caa aac tca aag aag act	686
Ser Leu Leu Lys Val Thr Ala Phe Gln His Gln Asn Ser Lys Lys Thr	
30 35 40	
acc aaa ttg gtg gtt att ctg agg ata ggc act cag gtg tta aag act	734
Thr Lys Leu Val Val Ile Leu Arg Ile Gly Thr Gln Val Leu Lys Thr	
45 50 55	
atg tcg ttg tac atg gct att tca ccg aag ttt act acc agc ttg agt	782
Met Ser Leu Tyr Met Ala Ile Ser Pro Lys Phe Thr Thr Ser Leu Ser	
60 65 70 75	
cta cac aaa tta cta cag aca ctg gta ttg aaa atg cta cat tct tca	830
Leu His Lys Leu Leu Gln Thr Leu Val Leu Lys Met Leu His Ser Ser	
80 85 90	
tct tta aca agc ttg tta aag acc cac cga atg tgc aaa tac aca caa	878
Ser Leu Thr Ser Leu Leu Lys Thr His Arg Met Cys Lys Tyr Thr Gln	
95 100 105	
tcg acg gct ctt cag gag ttg cta atc cag caa tgg atc caa ttt atg	926
Ser Thr Ala Leu Gln Glu Leu Leu Ile Gln Gln Trp Ile Gln Phe Met	
110 115 120	
atg agc cga cga cga cta cta gcg tgc ctt tgt aag cac aag aaa gtg	974
Met Ser Arg Arg Arg Leu Leu Ala Cys Leu Cys Lys His Lys Lys Val	
125 130 135	
agt acg aac tta tgt act cat tcg ttt cgg aag aaa cag gta cgt	1019
Ser Thr Asn Leu Cys Thr His Ser Phe Arg Lys Lys Gln Val Arg	
140 145 150	

S226CAS108.ST25

taatagttaa tagcgtactt ctttttcttg ctttcgtggt attcttgcta gtcacactag 1079
ccatccttac tgcgctt 1096

<210> 12

<211> 154

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 12

Met Met Pro Thr Thr Leu Phe Ala Gly Thr His Ile Thr Met Thr Thr
1 5 10 15
Val Tyr His Ile Thr Val Ser Gln Ile Gln Leu Ser Leu Leu Lys Val
20 25 30
Thr Ala Phe Gln His Gln Asn Ser Lys Lys Thr Thr Lys Leu Val Val
35 40 45
Ile Leu Arg Ile Gly Thr Gln Val Leu Lys Thr Met Ser Leu Tyr Met
50 55 60
Ala Ile Ser Pro Lys Phe Thr Thr Ser Leu Ser Leu His Lys Leu Leu
65 70 75 80
Gln Thr Leu Val Leu Lys Met Leu His Ser Ser Ser Leu Thr Ser Leu
85 90 95
Leu Lys Thr His Arg Met Cys Lys Tyr Thr Gln Ser Thr Ala Leu Gln
100 105 110
Glu Leu Leu Ile Gln Gln Trp Ile Gln Phe Met Met Ser Arg Arg Arg
115 120 125
Leu Leu Ala Cys Leu Cys Lys His Lys Lys Val Ser Thr Asn Leu Cys
130 135 140
Thr His Ser Phe Arg Lys Lys Gln Val Arg
145 150

<210> 13

<211> 332

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

S226CAS108.ST25

<220>

<221> CDS

<222> (36)..(263)

<223>

<400> 13

tgcctttgta agcacaagaa agtgagtacg aactt atg tac tca ttc gtt tcg 53
Met Tyr Ser Phe Val Ser
1 5

gaa gaa aca ggt acg tta ata gtt aat agc gta ctt ctt ttt ctt gct 101
Glu Glu Thr Gly Thr Leu Ile Val Asn Ser Val Leu Leu Phe Leu Ala
10 15 20

ttc gtg gta ttc ttg cta gtc aca cta gcc atc ctt act gcg ctt cga 149
Phe Val Val Phe Leu Leu Val Thr Leu Ala Ile Leu Thr Ala Leu Arg
25 30 35

ttg tgt gcg tac tgc tgc aat att gtt aac gtg agt tta gta aaa cca 197
Leu Cys Ala Tyr Cys Cys Asn Ile Val Asn Val Ser Leu Val Lys Pro
40 45 50

acg gtt tac gtc tac tcg cgt gtt aaa aat ctg aac tct tct gaa gga 245
Thr Val Tyr Val Tyr Ser Arg Val Lys Asn Leu Asn Ser Ser Glu Gly
55 60 65 70

gtt cct gat ctt ctg gtc taaacgaact aactattatt attattctgt 293
Val Pro Asp Leu Leu Val
75

ttggaacttt aacattgctt atcatggcag acaacggta 332

<210> 14

<211> 76

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 14

Met Tyr Ser Phe Val Ser Glu Glu Thr Gly Thr Leu Ile Val Asn Ser
1 5 10 15

Val Leu Leu Phe Leu Ala Phe Val Val Phe Leu Leu Val Thr Leu Ala
20 25 30

Ile Leu Thr Ala Leu Arg Leu Cys Ala Tyr Cys Cys Asn Ile Val Asn
35 40 45

Val Ser Leu Val Lys Pro Thr Val Tyr Val Tyr Ser Arg Val Lys Asn
50 55 60

Leu Asn Ser Ser Glu Gly Val Pro Asp Leu Leu Val
65 70 75

S226CAS108.ST25

<210> 15

<211> 332

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 15

tgccctttgta agcacaagaa agtgagtacg aacttatgta ctcattcggt tcggaagaaa	60
caggtagcgtt aatagttaat agcgtacttc tttttcttgc tttcgtggta ttcttgctag	120
tcacactagc catccttact gcgcttcgat tgtgtgcgta ctgctgcaat attgttaacg	180
tgagtttagt aaaaccaacg gtttacgtct actcgcgtgt taaaaatctg aactcttctg	240
aaggagttcc tgatcttctg gtctaaacga actaactatt attattattc tgtttggaac	300
tttaacattg cttatcatgg cagacaacgg ta	332

<210> 16

<211> 708

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<220>

<221> CDS

<222> (41)..(703)

<223>

<400> 16

tattattatt attctgtttg gaactttaac attgcttattc atg gca gac aac ggt	55
Met Ala Asp Asn Gly	
1 5	
act att acc gtt gag gag ctt aaa caa ctc ctg gaa caa tgg aac cta	103
Thr Ile Thr Val Glu Glu Leu Lys Gln Leu Leu Glu Gln Trp Asn Leu	
10 15 20	
gta ata ggt ttc cta ttc cta gcc tgg att atg tta cta caa ttt gcc	151
Val Ile Gly Phe Leu Phe Leu Ala Trp Ile Met Leu Leu Gln Phe Ala	
25 30 35	
tat tct aat cgg aac agg ttt ttg tac ata ata aag ctt gtt ttc ctc	199
Tyr Ser Asn Arg Asn Arg Phe Leu Tyr Ile Ile Lys Leu Val Phe Leu	
40 45 50	
tgg ctc ttg tgg cca gta aca ctt gct tgt ttt gtg ctt gct gct gtc	247
Trp Leu Leu Trp Pro Val Thr Leu Ala Cys Phe Val Leu Ala Ala Val	
55 60 65	
tac aga att aat tgg gtg act ggc ggg att gcg att gca atg gct tgt	295

[illegible]

<213> CORONAVIRUS

Lys Leu Val Phe Leu Trp Leu Leu Trp Pro Val Thr Leu Ala Cys Phe
50 55 60

S226CAS108.ST25

Val₆₅ Leu Ala Ala Val Tyr₇₀ Arg Ile Asn Trp Val₇₅ Thr Gly Gly Ile Ala₈₀

Ile Ala Met Ala Cys₈₅ Ile Val Gly Leu Met Trp Leu Ser Tyr Phe Val₉₅

Ala Ser Phe Arg₁₀₀ Leu Phe Ala Arg Thr₁₀₅ Arg Ser Met Trp Ser Phe Asn₁₁₀

Pro Glu Thr₁₁₅ Asn Ile Leu Leu Asn Val₁₂₀ Pro Leu Arg Gly Thr Ile Val₁₂₅

Thr Arg Pro Leu Met Glu Ser₁₃₅ Glu Leu Val Ile Gly Ala Val Ile Ile₁₄₀

Arg Gly His Leu Arg Met₁₅₀ Ala Gly His Ser Leu₁₅₅ Gly Arg Cys Asp Ile₁₆₀

Lys Asp Leu Pro Lys₁₆₅ Glu Ile Thr Val Ala Thr Ser Arg Thr Leu Ser₁₇₅

Tyr Tyr Lys Leu₁₈₀ Gly Ala Ser Gln Arg Val Gly Thr Asp Ser Gly Phe₁₉₀

Ala Ala Tyr₁₉₅ Asn Arg Tyr Arg Ile₂₀₀ Gly Asn Tyr Lys Leu₂₀₅ Asn Thr Asp

His Ala Gly Ser Asn Asp₂₁₅ Ile Ala Leu Leu Val Gln₂₂₀

<210> 18

<211> 769

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 18

```

cctgatcttc tggctctaaac gaactaacta ttattattat tctgtttgga actttaacat      60
tgcttatcat ggcagacaac ggtactatta ccgttgagga gcttaaacia ctcttggaac      120
aatggaacct agtaataggt ttcctattcc tagcctggat tatgttacta caatttgcc      180
attctaatacg gaacagggtt ttgtacataa taaagcttgt tttcctctgg ctcttggtggc      240
cagtaacact tgcttgtttt gtgcttgctg ctgtctacag aattaattgg gtgactggcg      300
ggattgcatg tgcaatggct tgtattgtag gcttgatgtg gcttagctac ttcgttgctt      360
ccttcaggct gtttgctcgt acccgctcaa tgtgggtcatt caaccagaa acaaacattc      420
ttctcaatgt gcctctccgg gggacaattg tgaccagacc gctcatggaa agtgaacttg      480
tcattgggtgc tgtgatcatt cgtgggtcact tgcgaatggc cggacactcc ctagggcgct      540

```

S226CAS108.ST25

gtgacattaa ggacctgcca aaagagatca ctgtggctac atcacgaacg ctttcttatt 600
 acaaattagg agcgtcgag cgtgtaggca ctgattcagg ttttgctgca tacaaccgct 660
 accgtattgg aaactataaa ttaaatacag accacgccgg tagcaacgac aatattgctt 720
 tgctagtaca gtaagtgaca acagatgttt catcttgttg acttccagg 769

<210> 19

<211> 1231

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 19
 taccgtattg gaaactataa attaaatata gaccacgccg gtagcaacga caatattgct 60
 ttgctagtac agtaagtac aacagatgtt tcatcttggt gacttccagg ttacaatagc 120
 agagatattg attatcatta tgaggacttt caggattgct atttggaaac ttgacgttat 180
 aataagttca atagttagac aattatttaa gcctctaact aagaagaatt attcggagtt 240
 agatgatgaa gaacctatgg agttagatta tccataaaac gaacatgaaa attattctct 300
 tcctgacatt gattgtattt acatcttgcg agctatatca ctatcaggag tgtgttagag 360
 gtacgactgt actactaaaa gaaccttgcc catcaggaac atacgagggc aattcaccat 420
 ttcaccctct tgctgacaat aaatttgcac taacttgcac tagcacacac tttgcttttg 480
 cttgtgctga cggtagctga catacctatc agctgcgtgc aagatcagtt tcaccaaacc 540
 ttttcatcag acaagaggag gttcaacaag agctctactc gccacttttt ctcatgtttg 600
 ctgctctagt atttttaata ctttgcttca ccattaagag aaagacagaa tgaatgagct 660
 cactttaatt gacttctatt tgtgcttttt agcctttctg ctattccttg ttttaataat 720
 gcttattata ttttggtttt cactcgaaat ccaggatcta gaagaacctt gtaccaaagt 780
 ctaaacgaac atgaaacttc tcattgtttt gacttgtatt tctctatgca gttgcatatg 840
 cactgtagta cagcgtgtg catctaataa acctcatgtg cttgaagatc cttgtaagggt 900
 acaacactag gggtaatact tatagcactg cttggctttg tgctctagga aaggttttac 960
 cttttcatag atggcacact atggttcaaa catgcacacc taatgttact atcaactgtc 1020
 aagatccagc tgggtggtgct cttatagcta ggtgttggtta cttcatgaa ggtcaccaaa 1080
 ctgctgcatt tagagacgta cttgttgttt taaataaacg aacaaattaa aatgtctgat 1140
 aatggacccc aatcaaacca acgtagtgcc ccccgcatca ctttggtgg acccacagat 1200
 tcaactgaca ataaccagaa tggaggacgc a 1231

<210> 20

<211> 1242

S226CAS108.ST25

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 20

gcatacaacc gctaccgtat tggaaactat aaattaaata cagaccacgc cggtagcaac	60
gacaatattg ctttgctagt acagtaagtg acaacagatg tttcatcttg ttgacttcca	120
ggttacaata gcagagatat tgattatcat tatgaggact ttcaggattg ctatttgga	180
tcttgacgtt ataataagtt caatagtgag acagttatgt aagcctctaa ctaagaagaa	240
ttattcggag ttagatgatg aagaacctat ggagttagat tatccataaa acgaacatga	300
aaattattct cttcctgaca ttgattgtat ttacatcttg cgagctatat cactatcagg	360
agtgtgttag aggtacgact gtactactaa aagaaccttg cccatcagga acatacgagg	420
gcaattcacc atttcaccct cttgctgaca ataaatttgc actaacttgc actagcacac	480
actttgcttt tgcttgctgct gacgggtactc gacataccta tcagctgcgt gcaagatcag	540
tttcaccaa acttttcatc agacaagagg aggttcaaca agagctctac tcgccacttt	600
ttctcattgt tgctgctcta gtatttttaa tactttgctt caccattaag agaaagacag	660
aatgaatgag ctcactttaa ttgacttcta tttgtgcttt ttagcctttc tgctattcct	720
tgttttaata atgcttatta tatttttggtt ttcactcgaa atccaggatc tagaagaacc	780
ttgtaccaa gtctaaacga acatgaaact tctcattgtt ttgacttgta tttctctatg	840
cagttgcata tgactgtag tacagcgctg tgcactaat aaacctcatg tgcttgaaga	900
tccttgtaag gtacaacact aggggtaata cttatagcac tgcttggtt tgtgctctag	960
gaaagggttt accttttcat agatggcaca ctatggttca aacatgcaca cctaattgta	1020
ctatcaactg tcaagatcca gctggtggtg cgcttatagc taggtggttg taccttcatg	1080
aaggtcacca aactgctgca tttagagacg tacttggtgt tttaaataaa cgaacgaatt	1140
aaaatgtctg ataatggacc ccaatcaaac caacgtagtg ccccccgcac tacatttggt	1200
ggaccacag attcaactga caataaccag aatggaggac gc	1242

<210> 21

<211> 1231

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<220>

<221> CDS

<222> (86)..(274)

<223>

S226CAS108.ST25

<400> 21
taccgtattg gaaactataa attaaatata gaccacgccg gtagcaacga caatattgct 60
ttgctagtag agtaagtgac aacag atg ttt cat ctt gtt gac ttc cag gtt 112
Met Phe His Leu Val Asp Phe Gln Val
1 5
aca ata gca gag ata ttg att atc att atg agg act ttc agg att gct 160
Thr Ile Ala Glu Ile Leu Ile Ile Ile Met Arg Thr Phe Arg Ile Ala
10 15 20 25
att tgg aat ctt gac gtt ata ata agt tca ata gtg aga caa tta ttt 208
Ile Trp Asn Leu Asp Val Ile Ile Ser Ser Ile Val Arg Gln Leu Phe
30 35 40
aag cct cta act aag aag aat tat tgc gag tta gat gat gaa gaa cct 256
Lys Pro Leu Thr Lys Lys Asn Tyr Ser Glu Leu Asp Asp Glu Glu Pro
45 50 55
atg gag tta gat tat cca taaaacgaac atgaaaatta ttctcttcct 304
Met Glu Leu Asp Tyr Pro
60
gacattgatt gtatttacat cttgcgagct atatacactat caggagtgtg ttagaggtac 364
gactgtacta ctaaaagaac cttgcccatac aggaacatac gagggcaatt caccatttca 424
ccctcttgct gacaataaat ttgcactaac ttgcactagc acacactttg cttttgcttg 484
tgctgacggt actcgacata cctatcagct gcgtgcaaga tcagtgtcac caaaactttt 544
catcagacaa gaggaggttc aacaagagct ctactcgcca ctttttctca ttgttgctgc 604
tctagtattt ttaatacttt gtttcacat taagagaaag acagaatgaa tgagctcact 664
ttaattgact tctatttggtg ctttttagcc tttctgctat tccttgtttt aataatgctt 724
attatatttt ggttttctact cgaaatccag gatctagaag aacctgtac caaagtctaa 784
acgaacatga aacttctcat tgttttgact tgtatttctc tatgcagttg catatgcact 844
gtagtacagc gctgtgcatc taataaacct catgtgcttg aagatccttg taaggtacaa 904
cactaggggt aatacttata gcactgcttg gctttgtgct ctaggaaagg ttttaccttt 964
tcatagatgg cacactatgg ttcaaacatg cacacctaatt gttactatca actgtcaaga 1024
tccagctggg ggtgcgctta tagctaggtg ttggtacctt catgaagggt accaaactgc 1084
tgcattttaga gacgtacttg ttgttttaaa taaacgaaca aattaaaatg tctgataatg 1144
gaccccaatc aaaccaacgt agtgccccc gcattacatt tggtggaccc acagattcaa 1204
ctgacaataa ccagaatgga ggacgca 1231

<210> 22
<211> 63
<212> PRT
<213> CORONAVIRUS

S226CAS108.ST25

<400> 22

Met Phe His Leu Val Asp Phe Gln Val Thr Ile Ala Glu Ile Leu Ile
 1 5 10 15

Ile Ile Met Arg Thr Phe Arg Ile Ala Ile Trp Asn Leu Asp Val Ile
 20 25 30

Ile Ser Ser Ile Val Arg Gln Leu Phe Lys Pro Leu Thr Lys Lys Asn
 35 40 45

Tyr Ser Glu Leu Asp Asp Glu Glu Pro Met Glu Leu Asp Tyr Pro
 50 55 60

<210> 23

<211> 1231

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<220>

<221> CDS

<222> (285)..(650)

<223>

<400> 23

taccgtattg gaaactataa attaaatata gaccacgccg gtagcaacga caatattgct 60

ttgctagtac agtaagtac aacagatggt tcattctggt gacttccagg ttacaatagc 120

agagatattg attatcatta tgaggacttt caggattgct atttggaatc ttgacgttat 180

aataagttca atagttagac aattatttaa gcctctaact aagaagaatt attcggagtt 240

agatgatgaa gaacctatgg agttagatta tccataaaac gaac atg aaa att att 296
 Met Lys Ile Ile
 1

ctc ttc ctg aca ttg att gta ttt aca tct tgc gag cta tat cac tat 344
 Leu Phe Leu Thr Leu Ile Val Phe Thr Ser Cys Glu Leu Tyr His Tyr
 5 10 15 20

cag gag tgt gtt aga ggt acg act gta cta cta aaa gaa cct tgc cca 392
 Gln Glu Cys Val Arg Gly Thr Thr Val Leu Lys Glu Pro Cys Pro
 25 30 35

tca gga aca tac gag ggc aat tca cca ttt cac cct ctt gct gac aat 440
 Ser Gly Thr Tyr Glu Gly Asn Ser Pro Phe His Pro Leu Ala Asp Asn
 40 45 50

aaa ttt gca cta act tgc act agc aca cac ttt gct ttt gct tgt gct 488
 Lys Phe Ala Leu Thr Cys Thr Ser Thr His Phe Ala Phe Ala Cys Ala
 55 60 65

gac ggt act cga cat acc tat cag ctg cgt gca aga tca gtt tca cca 536

S226CAS108.ST25

Asp Gly Thr Arg His Thr Tyr Gln Leu Arg Ala Arg Ser Val Ser Pro
 70 75 80

aaa ctt ttc atc aga caa gag gag gtt caa caa gag ctc tac tcg cca 584
 Lys Leu Phe Ile Arg Gln Glu Glu Val Gln Gln Glu Leu Tyr Ser Pro
 85 90 95 100

ctt ttt ctc att gtt gct gct cta gta ttt tta ata ctt tgc ttc acc 632
 Leu Phe Leu Ile Val Ala Ala Leu Val Phe Leu Ile Leu Cys Phe Thr
 105 110 115

att aag aga aag aca gaa tgaatgagct cactttaatt gacttctatt 680
 Ile Lys Arg Lys Thr Glu
 120

tgtgcttttt agcctttctg ctattccttg ttttaataat gcttattata ttttggtttt 740
 cactcgaaat ccaggatcta gaagaacctt gtaccaaagt ctaaacgaac atgaaacttc 800
 tcattgtttt gacttgtatt tctctatgca gttgcatatg cactgtagta cagcgctgtg 860
 catctaataa acctcatgtg cttgaagatc cttgtaagggt acaacactag gggtaatact 920
 tatagcactg cttggctttg tgctctagga aagggttttac cttttcatag atggcacact 980
 atggttcaaa catgcacacc taatgttact atcaactgtc aagatccagc tgggtggtgcg 1040
 cttatagcta ggtggttgta cttcatgaa ggtcaccaa ctgctgcatt tagagacgta 1100
 cttgttggtt taaataaacg aacaaattaa aatgtctgat aatggacccc aatcaaacca 1160
 acgtagtgcc ccccgatta catttggtgg acccacagat tcaactgaca ataaccagaa 1220
 tggaggacgc a 1231

<210> 24
 <211> 122
 <212> PRT
 <213> CORONAVIRUS

<400> 24

Met Lys Ile Ile Leu Phe Leu Thr Leu Ile Val Phe Thr Ser Cys Glu
 1 5 10 15

Leu Tyr His Tyr Gln Glu Cys Val Arg Gly Thr Thr Val Leu Leu Lys
 20 25 30

Glu Pro Cys Pro Ser Gly Thr Tyr Glu Gly Asn Ser Pro Phe His Pro
 35 40 45

Leu Ala Asp Asn Lys Phe Ala Leu Thr Cys Thr Ser Thr His Phe Ala
 50 55 60

Phe Ala Cys Ala Asp Gly Thr Arg His Thr Tyr Gln Leu Arg Ala Arg
 65 70 75 80

S226CAS108.ST25
 Ser Val Ser Pro Lys Leu Phe Ile Arg Gln Glu Glu Val Gln Gln Glu
 85 90 95

Leu Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Ile Val Ala Ala Leu Val Phe Leu Ile
 100 105 110

Leu Cys Phe Thr Ile Lys Arg Lys Thr Glu
 115 120

<210> 25

<211> 1231

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<220>

<221> CDS

<222> (650)..(781)

<223>

<400> 25

taccgtattg gaaactataa attaaatata gaccacgccg gtagcaacga caatattgct 60

ttgctagtag agtaagttag aacagatggt tcatcttggt gacttccagg ttacaatagc 120

agagatatgg attatcatta tgaggacttt caggattgct atttggaatc ttgacgttat 180

aataagttca atagttagac aattatttaa gcctctaact aagaagaatt attcggagtt 240

agatgatgaa gaacctatgg agtttagatta tccataaaac gaacatgaaa attattctct 300

tcctgacatt gattgtattt acatcttgcg agctatatca ctatcaggag tgtgttagag 360

gtacgactgt actactaaaa gaaccttgcc catcaggaac atacgagggc aattcaccat 420

ttcaccctct tgctgacaat aaatttgac taacttgac tagcacacac ttgcttttg 480

cttgtgctga cggtagctga catacctatc agctgcgtgc aagatcagtt tcaccaaacc 540

ttttcatcag acaagaggag gttcaacaag agctctactc gccacttttt ctcatgttg 600

ctgctctagt atttttaata ctttgcttca ccattaagag aaagacaga atg aat gag 658

Met Asn Glu
1

ctc act tta att gac ttc tat ttg tgc ttt tta gcc ttt ctg cta ttc 706
 Leu Thr Leu Ile Asp Phe Tyr Leu Cys Phe Leu Ala Phe Leu Leu Phe
 5 10 15

ctt gtt tta ata atg ctt att ata ttt tgg ttt tca ctc gaa atc cag 754
 Leu Val Leu Ile Met Leu Ile Ile Phe Trp Phe Ser Leu Glu Ile Gln
 20 25 30 35

gat cta gaa gaa cct tgt acc aaa gtc taaacgaaca tgaaacttct 801
 Asp Leu Glu Glu Pro Cys Thr Lys Val
 40

S226CAS108.ST25

cattgttttg acttgtattt ctctatgcag ttgcatatgc actgtagtac agcgctgtgc 861
atctaataaa cctcatgtgc ttgaagatcc ttgtaaggta caacactagg ggtaatactt 921
atagcactgc ttggctttgt gctctaggaa aggttttacc ttttcataga tggcacacta 981
tggttcaaac atgcacacct aatgttacta tcaactgtca agatccagct ggtggtgcgc 1041
ttatagctag gtgttggtac cttcatgaag gtcaccaaac tgctgcattt agagacgtac 1101
ttgttgtttt aaataaacga acaaattaaa atgtctgata atggacccca atcaaaccaa 1161
cgtagtgccc cccgcattac atttggtgga cccacagatt caactgacaa taaccagaat 1221
ggaggacgca 1231

<210> 26

<211> 44

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 26

Met Asn Glu Leu Thr Leu Ile Asp Phe Tyr Leu Cys Phe Leu Ala Phe
1 5 10 15
Leu Leu Phe Leu Val Leu Ile Met Leu Ile Ile Phe Trp Phe Ser Leu
20 25 30
Glu Ile Gln Asp Leu Glu Glu Pro Cys Thr Lys Val
35 40

<210> 27

<211> 1231

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<220>

<221> CDS

<222> (791)..(907)

<223>

<400> 27
taccgtattg gaaactataa attaaatata gaccacgccg gtagcaacga caatattgct 60
ttgctagtag agtaagtac aacagatggt tcatcttggt gacttccagg ttacaatagc 120
agagatattg attatcatta tgaggacttt caggattgct atttggaatc ttgacgttat 180

S226CAS108.ST25

```

aataagttca atagtgagac aattatttaa gcctctaact aagaagaatt attcggagtt      240
agatgatgaa gaacctatgg agttagatta tccataaaac gaacatgaaa attattctct      300
tcctgacatt gattgtatTTT acatcttTgcg agctatatca ctatcaggag tgtgttagag      360
gtacgactgt actactaaaa gaacctTgcc catcaggaac atacgagggc aattcaccat      420
ttcaccctct tgctgacaat aaattTgcac taactTgcac tagcacacac tttgcttttg      480
cttTgtgctga cggTactcga catacctatc agctgcgtgc aagatcagtt tcaccaaAAC      540
ttttcatcag acaagaggag gttcaacaag agctctactc gccactTTTT ctcattgttg      600
ctgctctagt atttttaata cttTgcttca ccattaagag aaagacagaa tgaatgagct      660
cactttaatt gacttctatt tgtgctTTTT agcctttctg ctattccttg ttttaataat      720
gcttattata tttTggtttt cactcgaaat ccaggatcta gaagaacctt gtaccaaagt      780
ctaaacgaac atg aaa ctt ctc att gtt ttg act tgt att tct cta tgc      829
          Met Lys Leu Leu Ile Val Leu Thr Cys Ile Ser Leu Cys
          1             5             10
agt tgc ata tgc act gta gta cag cgc tgt gca tct aat aaa cct cat      877
Ser Cys Ile Cys Thr Val Val Gln Arg Cys Ala Ser Asn Lys Pro His
          15             20             25
gtg ctt gaa gat cct tgt aag gta caa cac taggggtaat acttatagca      927
Val Leu Glu Asp Pro Cys Lys Val Gln His
          30             35
ctgcttggct ttgtgctcta ggaaaggttt taccttttca tagatggcac actatggttc      987
aaacatgcac acctaattgtt actatcaact gtcaagatcc agctggTggt gcgcttatag      1047
ctaggTgttg gtaccttcat gaaggTcacc aaactgctgc atttagagac gtactTgttg      1107
ttttaataaa acgaacaaat taaaatgtct gataatggac cccaatcaaa ccaacgtagt      1167
gccccccgca ttacattTgg tggacccaca gattcaactg acaataacca gaatggagga      1227
cgca                                                                1231

```

<210> 28

<211> 39

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 28

```

Met Lys Leu Leu Ile Val Leu Thr Cys Ile Ser Leu Cys Ser Cys Ile
1             5             10             15

```

```

Cys Thr Val Val Gln Arg Cys Ala Ser Asn Lys Pro His Val Leu Glu
          20             25             30

```

```

Asp Pro Cys Lys Val Gln His
          35

```

S226CAS108.ST25

<210> 29

<211> 1231

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<220>

<221> CDS

<222> (876)..(1127)

<223>

<400> 29

taccgtattg gaaactataa attaaatata gaccacgccg gtagcaacga caatattgct	60
ttgctagtag agtaagtac aacagatggt tcatcttggt gacttccagg ttacaatagc	120
agagatattg attatcatta tgaggacttt caggattgct atttggaatc ttgacgttat	180
aataagttca atagttagac aattatttta gcctctaact aagaagaatt attcggaggt	240
agatgatgaa gaacctatgg agtttagatta tccataaaac gaacatgaaa attattctct	300
tcctgacatt gattgtattt acatcttgcg agctatatca ctatcaggag tgtgttagag	360
gtacgactgt actactaaaa gaaccttgcc catcaggaac atacgagggc aattcaccat	420
ttcaccctct tgctgacaat aaatttgcac taacttgcac tagcacacac tttgcttttg	480
cttggtgctga cggtactcga catacctatc agctgcgtgc aagatcagtt tcaccaaacc	540
ttttcatcag acaagaggag gttcaacaag agctctactc gccacttttt ctcatgtgtg	600
ctgctctagt atttttaata ctttgcttca ccattaagag aaagacagaa tgaatgagct	660
cactttaatt gacttctatt tgtgcttttt agcctttctg ctattccttg ttttaataat	720
gcttattata ttttggtttt cactcgaaat ccaggatcta gaagaacctt gtaccaaagt	780
ctaaacgaac atgaaacttc tcattgtttt gacttgtatt tctctatgca gttgcatatg	840
cactgtagta cagcgctgtg catctaataa acctc atg tgc ttg aag atc ctt	893
Met Cys Leu Lys Ile Leu	
1 5	
gta agg tac aac act agg ggt aat act tat agc act gct tgg ctt tgt	941
Val Arg Tyr Asn Thr Arg Gly Asn Thr Tyr Ser Thr Ala Trp Leu Cys	
10 15 20	
gct cta gga aag gtt tta cct ttt cat aga tgg cac act atg gtt caa	989
Ala Leu Gly Lys Val Leu Pro Phe His Arg Trp His Thr Met Val Gln	
25 30 35	
aca tgc aca cct aat gtt act atc aac tgt caa gat cca gct ggt ggt	1037
Thr Cys Thr Pro Asn Val Thr Ile Asn Cys Gln Asp Pro Ala Gly Gly	
40 45 50	
gcg ctt ata gct agg tgt tgg tac ctt cat gaa ggt cac caa act gct	1085

S226CAS108.ST25

Ala Leu Ile Ala Arg Cys Trp Tyr Leu His Glu Gly His Gln Thr Ala
 55 60 65 70

gca ttt aga gac gta ctt gtt gtt tta aat aaa cga aca aat 1127
 Ala Phe Arg Asp Val Leu Val Val Leu Asn Lys Arg Thr Asn
 75 80

taaaatgtct gataatggac cccaatcaaa ccaacgtagt gccccccgca ttacatttgg 1187

tggacccaca gattcaactg acaataacca gaatggagga cgca 1231

<210> 30

<211> 84

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 30

Met Cys Leu Lys Ile Leu Val Arg Tyr Asn Thr Arg Gly Asn Thr Tyr
 1 5 10 15

Ser Thr Ala Trp Leu Cys Ala Leu Gly Lys Val Leu Pro Phe His Arg
 20 25 30

Trp His Thr Met Val Gln Thr Cys Thr Pro Asn Val Thr Ile Asn Cys
 35 40 45

Gln Asp Pro Ala Gly Gly Ala Leu Ile Ala Arg Cys Trp Tyr Leu His
 50 55 60

Glu Gly His Gln Thr Ala Ala Phe Arg Asp Val Leu Val Val Leu Asn
 65 70 75 80

Lys Arg Thr Asn

<210> 31

<211> 21221

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 31

atggagagacc ttgttcttgg tgtcaacgag aaaacacacg tccaactcag ttgacctgtc 60

cttcagggtta gagacgtgct agtgcgtggc ttcggggact ctgtggaaga ggccctatcg 120

gaggcacgtg aacacctcaa aaatggcact tgtggtctag tagagctgga aaaaggcgta 180

ctgccccagc ttgaacagcc ctatgtgttc attaaacggt ctgatgcctt aagcaccaat 240

cacggccaca aggtcggtga gctggttgca gaaatggacg gcattcagta cggtcgtagc 300

S226CAS108.ST25

```

gggtataacac tgggagtact cgtgccacat gtggggcgaaa cccaattgc ataccgcaat 360
gttcttcttc gtaagaacgg taataagga gccgggtggc atagctatgg catcgatcta 420
aagtcttatg acttaggtga cgagcttggc actgatccca ttgaagatta tgaacaaaac 480
tggaacacta agcatggcag tgggtgactc cgtgaactca ctcgtgagct caatggaggt 540
gcagtcactc gctatgtcga caacaatttc tgtggccccag atgggtaccc tcttgattgc 600
atcaaagatt ttctcgcacg cgcgggcaag tcaatgtgca ctctttccga acaacttgat 660
tacatcgagt cgaagagagg tgtctactgc tgccgtgacc atgagcatga aattgcctgg 720
ttcactgagc gctctgataa gagctacgag caccagacac ccttcgaaat taagagtgcc 780
aagaaatttg acactttcaa aggggaatgc ccaaagtttg tgtttcctct taactcaaaa 840
gtcaaagtca ttcaaccacg tgttgaaaag aaaaagactg agggtttcat ggggcgtata 900
cgctctgtgt accctgttgc atctccacag gagtgtaaca atatgcactt gtctaccttg 960
atgaaatgta atcattgca tgaagtttca tggcagacgt gcgactttct gaaagccact 1020
tgtgaacatt gtggcactga aaatttagtt attgaaggac ctactacatg tgggtaccta 1080
cctactaatg ctgtagtgaa aatgccatgt cctgcctgtc aagaccaga gattggacct 1140
gagcatagtg ttgcagatta tcacaaccac tcaaacattg aaactcgact ccgcaagga 1200
ggtaggacta gatgttttgg aggctgtgtg tttgcctatg ttggctgcta taataagcgt 1260
gcctactggg ttcctcgtgc tagtgctgat attggctcag gccatactgg cattactggt 1320
gacaatgtgg agaccttgaa tgaggatctc cttgagatac tgagtcgtga acgtgttaac 1380
attaacattg ttggcgattt tcatttgaat gaagaggttg ccatcatttt ggcattcttc 1440
tctgcttcta caagtgcctt tattgacact ataaagagtc ttgattacaa gtctttcaaa 1500
accattgttg agtcctgcgg taactataaa gttaccaagg gaaagcccgt aaaagggtgt 1560
tggaacattg gacaacagag atcagtttta acaccactgt gtggttttcc ctcacaggct 1620
gctggtgtta tcagatcaat ttttgcgcgc acacttgatg cagcaaacca ctcaattcct 1680
gatttgcaaa gagcagctgt caccatactt gatggtat tctgaacagtc attacgtctt 1740
gtcgacgcca tggttttatac ttcagacctg ctcaccaaca gtgtcattat tatggcatat 1800
gtaactggtg gtcttgtaca acagacttct cagtggttgt ctaatctttt gggcactact 1860
gttgaaaaac tcaggcctat ctttgaatgg attgaggcga aacttagtgc aggagttgaa 1920
tttctcaagg atgcttggga gattctcaaa tttctcatta cagggtgttt tgacatcgtc 1980
aaggggtcaaa tacagggttg ttcagataac atcaaggatt gtgtaaaatg cttcattgat 2040
gttgtttaaca aggcactcga aatgtgcatt gatcaagtca ctatcgctgg cgcaaagtgt 2100
cgatcactca acttaggtga agtcttcac gctcaaagca agggacttta ccgtcagtgt 2160
atacgtggca aggagcagct gcaactactc atgcctctta aggcacaaa agaagtaacc 2220
tttcttgaag gtgattcaca tgacacagta cttacctctg aggaggttgt tctcaagaac 2280
gggtgaactcg aagcactcga gacgcccggt gatagcttca caaatggagc tatcgttggc 2340

```

S226CAS108.ST25

acaccagtct	gtgtaaattg	cctcatgctc	ttagagatta	aggacaaaga	acaatactgc	2400
gcattgtctc	ctggtttact	ggctacaaac	aatgtctttc	gcttaaaagg	gggtgcacca	2460
attaaaggtg	taaccttttg	agaagatact	gtttgggaag	ttcaaggtta	caagaatgtg	2520
agaatcacat	ttgagcttga	tgaacgtggt	gacaaagtgc	ttaatgaaaa	gtgctctgtc	2580
tacactgttg	aatccggtac	cgaagtact	gagtttgc	gtgtttagc	agaggctgtt	2640
gtgaagactt	tacaaccagt	ttctgatctc	cttaccaaca	tgggtattga	tcttgatgag	2700
tggagtgtag	ctacattcta	cttatttgat	gatgctggtg	aagaaaactt	ttcatcacgt	2760
atgtattgtt	ccttttacc	tccagatgag	gaagaagagg	acgatgcaga	gtgtgaggaa	2820
gaagaaattg	atgaaacctg	tgaacatgag	tacggtacag	aggatgatta	tcaaggctc	2880
cctctggaat	ttggtgcctc	agctgaaaca	gttcgagttg	aggaagaaga	agaggaagac	2940
tggctggatg	atactactga	gcaatcagag	attgagccag	aaccagaacc	tacacctgaa	3000
gaaccagtta	atcagtttac	tggttattta	aaacttactg	acaatgttgc	cattaaatgt	3060
gttgacatcg	ttaaggaggc	acaaagtgct	aatcctatgg	tgattgtaa	tgctgctaac	3120
atacacctga	aacatggtgg	tgggtgtagca	ggtgcactca	acaaggcaac	caatggtgcc	3180
atgcaaaagg	agagtgatga	ttacattaag	ctaaatggcc	ctcttacagt	aggagggtct	3240
tgtttgcttt	ctggacataa	tcttgctaag	aagtgtctgc	atgttgttgg	acctaacct	3300
aatgcaggtg	aggacatcca	gcttcttaag	gcagcatatg	aaaatttcaa	ttcacaggac	3360
atcttacttg	caccattggt	gtcagcaggc	atatttggtg	ctaaaccact	tcagtcttta	3420
caagtgtgcg	tgcagacggt	tcgtacacag	gtttatattg	cagtcaatga	caaagctctt	3480
tatgagcagg	ttgtcatgga	ttatcttgat	aacctgaagc	ctagagtgga	agcacctaaa	3540
caagaggagc	caccaaacac	agaagattcc	aaaactgagg	agaaatctgt	cgtacagaag	3600
cctgtcgaatg	tgaagccaaa	aattaaggcc	tgcatgtgatg	aggttaccac	aacactggaa	3660
gaaactaagt	ttcttaccaa	taagttactc	ttgtttgctg	atatcaatgg	taagctttac	3720
catgattctc	agaacatgct	tagaggtgaa	gatatgtctt	tccttgagaa	ggatgcacct	3780
tacatggtag	gtgatgttat	cactagtggg	gatatcactt	gtgttgtaat	accctccaaa	3840
aaggctggtg	gcactactga	gatgctctca	agagctttga	agaaagtgcc	agttgatgag	3900
tatataacca	cgtaccctgg	acaaggatgt	gctggttata	cacttgagga	agctaagact	3960
gctcttaaga	aatgcaaadc	tgcattttat	gtactacctt	cagaagcacc	taatgctaag	4020
gaagagattc	taggaactgt	atcctggaat	ttgagagaaa	tgcttgctca	tgctgaagag	4080
acaagaaaat	taatgcctat	atgcatggat	gttagagcca	taatggcaac	catccaacgt	4140
aagtataaag	gaattaaaat	tcaagagggc	atcgttgact	atggtgtccg	attcttcttt	4200
tatactagta	aagagcctgt	agcttctatt	attacgaagc	tgaactctct	aaatgagccg	4260
cttgtcacaa	tgccaattgg	ttatgtgaca	catggtttta	atcttgaaga	ggctgcgcgc	4320
tgatgctgtt	ctcttaaagc	tcctgccgta	gtgtcagtat	catcaccaga	tgctgttact	4380

S226CAS108.ST25

acatataatg gatacctcac ttcgtcatca aagacatctg aggagcactt tgtagaaaca 4440
 gtttctttgg ctggctctta cagagattgg tcctattcag gacagcgtac agagtttaggt 4500
 gttgaatttc ttaagcgtgg tgacaaaatt gtgtaccaca ctctggagag ccccgtcgag 4560
 tttcatcttg acggtgaggt tctttcactt gacaaactaa agagtctctt atccctgcgg 4620
 gaggttaaga ctataaaagt gttcacaact gtggacaaca ctaatctcca cacacagctt 4680
 gtggatatgt ctatgacata tggacagcag tttgggtccaa catacttgga tgggtgctgat 4740
 gttacaaaaa ttaaaccctca tgtaaatacat gagggttaaga ctttctttgt actacctagt 4800
 gatgacacac tacgtagtga agctttcgag tactaccata ctcttgatga gagttttctt 4860
 ggtaggtaca tgtctgcttt aaaccacaca aagaaatgga aatttcctca agttgggtgg 4920
 ttaacttcaa ttaaatgggc tgataacaat tgttatttgt ctagtgtttt attagcactt 4980
 caacagcttg aagtcaaatt caatgcacca gcacttcaag aggcttatta tagagcccg 5040
 gctggtgatg ctgctaactt ttgtgcactc atactcgctt acagtaataa aactgttggc 5100
 gagcttggtg atgtcagaga aactatgacc catcttctac agcatgctaa tttggaatct 5160
 gcaaagcgag ttcttaatgt ggtgtgtaaa cattgtggtc agaaaactac taccttaacg 5220
 ggtgtagaag ctgtgatgta tatgggtact ctatcttatg ataactttaa gacaggtgtt 5280
 tccattccat gtgtgtgtgg tcgtgatgct acacaatatc tagtacaaca agagtcttct 5340
 tttgttatga tgtctgcacc acctgctgag tataaattac agcaaggtag attcttatgt 5400
 gcgaatgagt aactggtaa ctatcagtgt ggtcattaca ctcatataac tgctaaggag 5460
 accctctatc gtattgacgg agctcacctt acaaagatgt cagagtacaa aggaccagt 5520
 actgatgttt tctacaagga aacatcttac actacaacca tcaagcctgt gtcgtataaa 5580
 ctcgatggag ttacttacac agagattgaa ccaaattgg atgggtatta taaaaaggat 5640
 aatgcttact atacagagca gcctatagac cttgtaccaa ctcaaccatt accaaatgcg 5700
 agttttgata atttcaaact cacatgttct aacacaaaat ttgctgatga tttaaatcaa 5760
 atgacaggct tcacaaagcc agcttcacga gagctatctg tcacattctt cccagacttg 5820
 aatggcgatg tagtggtat tgactataga cactattcag cgagtttcaa gaaagggtgct 5880
 aaattactgc ataagccaat tgtttggcac attaaccagg ctacaacca gacaacgttc 5940
 aaaccaaaca cttgggtgttt acgttgtctt tggagtacaa agccagtaga tacttcaa 6000
 tcatttgaag ttctggcagt agaagacaca caaggaatgg acaatcttgc ttgtgaaagt 6060
 caacaacca cctctgaaga agtagtgga aatcctacca tacagaagga agtcatagag 6120
 tgtgacgtga aaactaccga agttgtaggc aatgtcatac ttaaaccatc agatgaagg 6180
 gttaaagtaa cacaagagtt aggtcatgag gatcttatgg ctgcttatgt ggaaaacaca 6240
 agcattacca ttaagaaacc taatgagctt tctactagcct taggttttaa aacaattgcc 6300
 actcatggta ttgctgcaat taatagtgtt ccttggagta aaattttggc ttatgtcaaa 6360
 ccattcttag gacaagcagc aattacaaca tcaaattgcg ctaagagatt agcacaacgt 6420

S226CAS108.ST25

gtgtttaaca attatatgcc ttatgtgttt acattattgt tccaattgtg tacttttact	6480
aaaagtagca attctagaat tagagcttca ctacctaca ctattgctaa aaatagtgtt	6540
aagagtgttg ctaaattatg tttggatgcc ggcattaatt atgtgaagtc acccaaattt	6600
tctaaattgt tcacaatcgc tatgtggcta ttgttggtta gtatttgctt aggttctcta	6660
atctgtgtaa ctgctgcttt tgggtgtactc ttatctaatt ttggtgctcc ttcttattgt	6720
aatggcggtta gagaattgta tcttaattcg tctaacgtta ctactatgga tttctgtgaa	6780
ggttcttttc cttgcagcat ttgtttaagt ggattagact cccttgattc ttatccagct	6840
cttgaaacca ttcaggtgac gatttcatcg tacaagctag acttgacaat tttaggtctg	6900
gccgctgagt gggttttggc atatatgttg ttcacaaaat tcttttattt attaggtctt	6960
tcagctataa tgcaggtggt ctttggtctat ttgtgtagtc atttcatcag caattcttgg	7020
ctcatgtggt ttatcattag tattgtacaa atggcacccg tttctgcaat ggtaggatg	7080
tacatcttct ttgcttcttt ctactacata tggaagagct atgttcatat catggatggt	7140
tgcacctctt cgacttgcat gatgtgctat aagcgcaatc gtgccacacg cgttgagtgt	7200
acaactattg ttaatggcat gaagagatct ttctatgtct atgcaaatgg aggccgtggc	7260
ttctgcaaga ctcaaatg gaattgtctc aattgtgaca cattttgac tggtagtaca	7320
ttcattagtg atgaagttgc tcgtgatttg tctactcagt ttaaaagacc aatcaaccct	7380
actgaccagt catcgatatat tgttgatagt gttgctgtga aaaatggcgc gcttcacctc	7440
tactttgaca aggctggtca aaagacctat gagagacatc cgctctcca ttttgtcaat	7500
ttagacaatt tgagagctaa caacactaaa ggttcactgc ctattaatgt catagttttt	7560
gatggcaagt ccaaatgcga cgagtctgct tctaagtctg cttctgtgta ctacagtcag	7620
ctgatgtgcc aacctattct gttgcttgac caagctcttg tatcagacgt tggagatagt	7680
actgaagttt ccgttaagat gtttgatgct tatgtcgaca ctttttcagc aacttttagt	7740
gttcctatgg aaaaacttaa ggcacttggt gctacagctc acagcgagtt agcaaagggt	7800
gtagctttag atggtgtcct ttctacattc gtgtcagctg cccgacaagg tgttgttgat	7860
accgatgttg acacaaagga tgttattgaa tgtctcaaac tttcacatca ctctgactta	7920
gaagtgacag gtgacagttg taacaatttc atgctcacct ataataaggt tgaaaacatg	7980
acgcccagag atcttggcgc atgtattgac tgtaatgcaa ggcataatca tgcccaagta	8040
gcaaaaagtc acaatgtttc actcatctgg aatgtaaaaag actacatgtc tttatctgaa	8100
cagctgcgta aacaaattcg tagtgctgcc aagaagaaca acataccttt tagactaact	8160
tgtgctacaa ctagacaggt tgtcaatgtc ataactacta aaatctcact caagggtggt	8220
aagattgtta gtacttgttt taaacttatg cttaaggcca cattattgtg cgttcttgct	8280
gcattggttt gttatatcgt tatgccagta catacattgt caatccatga tggttacaca	8340
aatgaaatca ttgggttaca agccattcag gatgggtgtca ctctgacat catttctact	8400
gatgattgtt ttgcaaataa acatgctgggt ttgacgcat ggtttagcca gcgtgggtgg	8460

S226CAS108.ST25

tcatacaaaa atgacaaaag ctgccctgta gtagctgcta tcattacaag agagattggg	8520
ttcatagtgc ctggcttacc gggtagctgt ctgagagcaa tcaatgggtga cttcttgc	8580
tttctacctc gtgttttttag tgctgttggc aacatttgct acacaccttc caaactcatt	8640
gagtatagtg attttgctac ctctgcttgc gttcttgctg ctgagtgtac aatttttaag	8700
gatgctatgg gcaaacctgt gccatattgt tatgacacta atttgctaga gggttctatt	8760
tcttatagtg agcttcgtcc agacactcgt tatgtgctta tggatgggtc catcatacag	8820
tttctaaca cttacctgga gggttctgtt agagtagtaa caacttttga tgctgagtac	8880
tgtagacatg gtacatgcga aaggtcagaa gtaggtattt gcctatctac cagtggtaga	8940
tgggttctta ataatgagca ttacagagct ctatcaggag ttttctgtgg tgttgatgcg	9000
atgaatctca tagctaacat ctttactcct cttgtgcaac ctgtgggtgc tttagatgtg	9060
tctgcttcag tagtggctgg tgggtattatt gccatattgg tgacttgctg tgcctactac	9120
tttatgaaat tcagacgtgt ttttgggtgag tacaaccatg ttgttgctgc taatgcactt	9180
ttgtttttga tgtctttcac tatactctgt ctggtaccag cttacagctt tctgccggga	9240
gtctactcag tcttttactt gtacttgaca ttctatttca ccaatgatgt ttcattcttg	9300
gctcaccttc aatgggttgc catgttttct cctatttgct ctttttggat aacagcaatc	9360
tatgtattct gtatttctct gaagcactgc cattggttct ttaacaacta tcttaggaaa	9420
agagtcatgt ttaatggagt tacatttagt accttcgagg aggctgcttt gtgtaccttt	9480
ttgtcaaca aggaaatgta cctaaaattg cgtagcgaga cactgttgcc acttacacag	9540
tataacaggt atcttgctct atataacaag tacaagtatt tcagtggagc cttagatact	9600
accagctatc gtgaagcagc ttgtgccac ttagcaaagg ctctaaatga ctttagcaac	9660
tcaggtgctg atgttctcta ccaaccacca cagacatcaa tcacttctgc tgttctgcag	9720
agtggtttta ggaaaatggc attcccgtca ggcaaagttg aagggtgcat ggtacaagta	9780
acctgtggaa ctacaactct taatggattg tgggtggatg acacagtata ctgtccaaga	9840
catgtcattt gcacagcaga agacatgctt aatcctaact atgaagatct gctcattcgc	9900
aaatccaacc atagctttct tgttcaggct ggcaatgttc aacttcgtgt tattggccat	9960
tctatgcaaa attgtctgct taggcttaaa gttgatactt ctaaccctaa gacaccaag	10020
tataaatttg tccgtatcca acctggtcaa acattttcag ttctagcatg ctacaatgg	10080
tcaccatctg gtgtttatca gtgtgccatg agacctaatc ataccattaa aggttctttc	10140
cttaatggat catgtggtag tgttggtttt aacattgatt atgattgcgt gtctttctgc	10200
tatatgcatc atatggagct tccaacagga gtacacgctg gtactgactt agaaggtaaa	10260
ttctatggtc catttggtga cagacaaact gcacaggctg caggtagaga cacaaccata	10320
acattaaatg ttttggcatg gctgtatgct gctgttatca atgggtgatag gtggtttctt	10380
aatagattca ccactacttt gaatgacttt aaccttgtgg caatgaagta caactatgaa	10440
cccttgacac aagatcatgt tgacatattg ggacctcttt ctgctcaaac aggaattgcc	10500

S226CAS108.ST25

gtcttagata	tgtgtgctgc	tttgaaagag	ctgctgcaga	atggtatgaa	tggtcgtact	10560
atccttggtgta	gcactatttt	agaagatgag	tttacaccat	ttgatgttgt	tagacaatgc	10620
tctggtgtta	ccttccaagg	taagttcaag	aaaattgtta	agggcactca	tcattggatg	10680
cttttaactt	tcttgacatc	actattgatt	cttgttcaaa	gtacacagtg	gtcactgttt	10740
ttctttgttt	acgagaatgc	tttcttgcca	tttactcttg	gtattatggc	aattgctgca	10800
tgtgctatgc	tgcttggttaa	gcataagcac	gcattcttgt	gcttgtttct	gttaccttct	10860
cttgcaacag	ttgcttactt	taatattggtc	tacatgcctg	ctagctgggt	gatgcgtatc	10920
atgacatggc	ttgaattggc	tgacactagc	ttgtctgggt	ataggcttaa	ggatttgtgt	10980
atgtatgctt	cagctttagt	tttgcttatt	ctcatgacag	ctcgcactgt	ttatgatgat	11040
gctgctagac	gtgtttggac	actgatgaat	gtcattacac	ttgtttacaa	agtctactat	11100
ggtaatgctt	tagatcaagc	tatttccatg	tgggccttag	ttatttctgt	aacctctaac	11160
tattctggtg	tcgttacgac	tatcatgttt	ttagctagag	ctatagtgtt	tgtgtgtgtt	11220
gagtattacc	cattgttatt	tattactggc	aacaccttac	agtgtatcat	gcttgtttat	11280
tgtttcttag	gctattgttg	ctgctgctac	tttggccttt	tctgtttact	caaccgttac	11340
ttcaggctta	ctcttggtgt	ttatgactac	ttggtctcta	cacaagaatt	taggtatatg	11400
aactcccagg	ggcttttgcc	tcctaagagt	agtattgatg	ctttcaagct	taacattaag	11460
ttgttgggta	ttggaggtaa	accatgtatc	aagggtgcta	ctgtacagtc	taaaatgtct	11520
gacgtaaagt	gcacatctgt	ggtagctgtc	tcggttcttc	aacaacttag	agtagagtca	11580
tcttctaaat	tgtgggcaca	atgtgtacaa	ctccacaatg	atattcttct	tgcaaaagac	11640
acaactgaag	ctttcgagaa	gatggtttct	cttttgtctg	ttttgctatc	catgcagggt	11700
gctgtagaca	ttaatagggt	gtgcgaggaa	atgctcgata	accgtgctac	tcttcaggct	11760
attgcttcag	aatttagttc	tttaccatca	tatgccgctt	atgccactgc	ccaggaggcc	11820
tatgagcagg	ctgtagctaa	tggtgattct	gaagtcgttc	tcaaaaagtt	aaagaaatct	11880
ttgaatgtgg	ctaaatctga	gtttgaccgt	gatgctgcca	tgcaacgcaa	gttggaaaag	11940
atggcagatc	aggctatgac	ccaatgtac	aaacaggcaa	gatctgagga	caagaggggca	12000
aaagtaacta	gtgctatgca	aacaatgctc	ttcactatgc	ttaggaagct	tgataatgat	12060
gcacttaaca	acattatcaa	caatgcgcgt	gatggttgtg	ttccactcaa	catcatacca	12120
ttgactacag	cagccaaact	catggttggt	gtccctgatt	atggtaccta	caagaacact	12180
tgtgatggta	acacctttac	atatgcatct	gcactctggg	aaatccagca	agttgttgat	12240
gcggatagca	agattgttca	acttagtgaa	attaacatgg	acaattcacc	aaatttggct	12300
tggcctctta	ttgttacagc	tctaagagcc	aactcagctg	ttaaactaca	gaataatgaa	12360
ctgagtccag	tagcactacg	acagatgtcc	tgtgcggtg	gtaccacaca	aacagcttgt	12420
actgatgaca	atgcacttgc	ctactataac	aattcgaagg	gaggtagggt	tgtgctggca	12480
ttactatcag	accaccaaga	tctcaaatgg	gctagattcc	ctaagagtga	tggtacaggt	12540

S226CAS108.ST25

acaattttaca cagaactgga accaccttgt aggttttgta cagacacacc aaaagggcct 12600
 aaagtgaaat acttgactt catcaaaggc ttaaacaacc taaatagagg tatgggtgctg 12660
 ggcagtttag ctgctacagt acgtcttcag gctggaaatg ctacagaagt acctgccaat 12720
 tcaactgtgc tttccttctg tgcttttgca gtagaccctg ctaaagcata taaggattac 12780
 ctagcaagtg gaggacaacc aatcaccaac tgtgtgaaga tgttgtgtac acacactggg 12840
 acaggacagg caattactgt aacaccagaa gctaacatgg accaagagtc ctttgggtgg 12900
 gcttcattgt gtctgtattg tagatgccac attgaccatc caaatcctaa aggattctgt 12960
 gacttgaaag gtaagtacgt ccaaatacct accacttgtg ctaatgaccc agtgggtttt 13020
 acacttagaa acacagtctg taccgtctgc ggaatgtgga aagggttatgg ctgtagttgt 13080
 gaccaactcc gcgaaccctt gatgcagtct gcggatgcat caacgttttt aaacgggttt 13140
 gcggtgtaag tgcagcccgt cttacaccgt gcggcacagg cactagtact gatgtcgtct 13200
 acagggcttt tgatatttac aacgaaaaag ttgctggttt tgcaaagttc ctaaaaacta 13260
 attgctgtcg cttccaggag aaggatgagg aaggcaattt attagactct tactttgtag 13320
 ttaagaggca tactatgtct aactaccaac atgaagagac tatttataac ttggttaaag 13380
 attgtccagc ggttgctgtc catgactttt tcaagttag agtagatggg gacatggtac 13440
 cacatatatc acgtcagcgt ctaactaaat acacaatggc tgatttagtc tatgctctac 13500
 gtcattttga tgagggtaat tgtgatacat taaaagaaat actcgtcaca tacaattgct 13560
 gtgatgatga ttatttcaat aagaaggatt ggtatgactt cgtagagaat cctgacatct 13620
 tacgcgtata tgctaactta ggtgagcgtg tacgccaatc attattaaag actgtacaat 13680
 tctgcgatgc tatgcgtgat gcaggcattg taggcgtact gacattagat aatcaggatc 13740
 ttaatgggaa ctggtacgat ttcggtgatt tcgtacaagt agcaccaggc tgcggagttc 13800
 ctattgtgga ttcattattac tcattgctga tgccatcct cactttgact agggcattgg 13860
 ctgctgagtc ccatatggat gctgatctcg caaaaccact tattaagtgg gatttgctga 13920
 aatatgattt tacggaagag agactttgtc tcttcgaccg ttattttaaa tattgggacc 13980
 agacatacca tcccaattgt attactgtt tggatgatag gtgtatcctt cattgtgcaa 14040
 actttaatgt gttattttct actgtgtttc cacctacaag ttttggacca ctagtaagaa 14100
 aaatatattg agatggtgtt ccttttggtg tttcaactgg ataccatttt cgtgagttag 14160
 gagtcgtaca taatcaggat gtaaacttac atagctcgcg tctcagtttc aaggaaacttt 14220
 tagtgtatgc tgctgatcca gctatgcatg cagcttctgg caattttattg ctagataaac 14280
 gcactacatg cttttcagta gctgcactaa caaacaatgt tgcttttcaa actgtcaaac 14340
 ccggtaatat taataaagac ttttatgact ttgctgtgtc taaagggtttc ttttaaggag 14400
 gaagtctgt tgaactaaaa cacttcttct ttgctcagga tggcaacgct gctatcagtg 14460
 attatgacta ttatcgttat aatctgccaa caatgtgtga tatcagacaa ctcctattcg 14520
 tagttgaagt tgttgataaa tactttgatt gttacgatgg tggctgtatt aatgccaacc 14580

S226CAS108.ST25

aagtaatcgt taacaatctg gataaatcag ctgggtttccc atttaataaa tggggtaagg	14640
ctagacttta ttatgactca atgagttatg aggatcaaga tgcacttttc gcgtatacta	14700
agcgtaatgt catccctact ataactcaaa tgaatcttaa gtatgccatt agtgcaaaga	14760
atagagctcg caccgtagct ggtgtctcta tctgtagtac tatgacaaat agacagtttc	14820
atcagaaatt attgaagtca atagccgcca ctagaggagc tactgtggta attggaacaa	14880
gcaagtttta cgggtggctgg cataatatgt taaaaactgt ttacagtgat gtagaaactc	14940
cacaccttat gggttgggat tatccaaaat gtgacagagc catgcctaac atgcttagga	15000
taatggcctc tcttgttctt gctcgcaaac ataacacttg ctgtaactta tcacaccgtt	15060
tctacagggt agctaacgag tgtgcgcaag tattaagtga gatggtcatt tgtggcggct	15120
cactatatgt taaaccagggt ggaacatcat ccggtgatgc tacaactgct tatgctaata	15180
gtgtctttta catttgctca gctgttacag ccaatgtaaa tgcacttctt tcaactgatg	15240
gtaataagat agctgacaag tatgtccgca atctacaaca caggctctat gagtgtctct	15300
atagaaatag ggatgttgat catgaattcg tggatgagtt ttacgcttac ctgcgtaaac	15360
atttctccat gatgattctt tctgatgatg ccgttggttg ctataacagt aactatgcgg	15420
ctcaagggtt agtagctagc attaagaact ttaaggcagt tctttattat caaaataatg	15480
tgttcatgtc tgaggcaaaa tgttggaactg agactgacct tactaaagga cctcacgaat	15540
tttgctcaca gcatacaatg ctagttaaac aaggagatga ttacgtgtac ctgccttacc	15600
cagatccatc aagaatatta ggcgcaggct gttttgtcga tgatattgtc aaaacagatg	15660
gtacacttat gattgaaagg ttcgtgtcac tggctattga tgcttaccac cttacaaaac	15720
atcctaatac ggagtatgct gatgtctttc acttgatatt acaatacatt agaaagtac	15780
atgatgagct tactggccac atgttgagca tgtattccgt aatgctaact aatgataaca	15840
cctcacggtc ctgggaacct gagttttatg aggctatgta cacaccacat acagtcttgc	15900
aggctgtagg tgcttgtgta ttgtgcaatt cacagacttc acttcgttgc ggtgcctgta	15960
ttaggagacc attcctatgt tgcaagtgtc gctatgacca tgtcatttca acatcacaca	16020
aattagtgtt gtctgttaat ccctatgttt gcaatgcccc aggttgtgat gtcactgatg	16080
tgacacaact gtatctagga ggtatgagct attattgcaa gtcacataag cctcccatta	16140
gttttccatt atgtgctaatt ggtcagggtt ttgggtttata caaaaacaca tgtgtaggca	16200
gtgacaatgt cactgacttc aatgcgatag caacatgtga ttggactaat gctggcgatt	16260
acatacttgc caacacttgt actgagagac tcaagctttt cgcagcagaa acgctcaaag	16320
ccactgagga aacatttaag ctgtcatatg gtattgccac tgtacgcgaa gtactctctg	16380
acagagaatt gcatctttca tgggagggtt gaaaacctag accaccattg aacagaaact	16440
atgtctttac tggttaccgt gtaactaaaa atagtaaagt acagattgga gagtacacct	16500
ttgaaaaagg tgactatggt gatgtgtgtg tgtacagagg tactacgaca tacaagttga	16560
atgttggtga ttactttgtg ttgacatctc acactgtaat gccacttagt gcacctactc	16620

S226CAS108.ST25

tagtgccaca agagcactat gtgagaatta ctggcttgta cccaacactc aacatctcag 16680
 atgagttttc tagcaatggt gcaaattatc aaaagggtcgg catgcaaaag tactctacac 16740
 tccaaggacc acctggtact ggtaagagtc attttgccat cggacttgct ctctattacc 16800
 catctgctcg catagtgtat acggcatgct ctcatgcagc tgttgatgcc ctatgtgaaa 16860
 aggcattaaa atatttgccc atagataaat gtagtagaat catacctgcg cgtgcgcgcg 16920
 tagagtgttt tgataaattc aaagtgaatt caacactaga acagtatggt ttctgcactg 16980
 taaatgcatt gccagaaaca actgctgaca ttgtagtctt tgatgaaatc tctatggcta 17040
 ctaattatga cttgagtgtt gtcaatgcta gacttcgtgc aaaacactac gtctatattg 17100
 gcgatcctgc tcaattacca gccccccgca cattgctgac taaaggcaca ctagaaccag 17160
 aatattttta ttacagtgtgc agacttatga aaacaatagg tccagacatg ttccttggaa 17220
 cttgtcgccg ttgtcctgct gaaattgttg acactgtgag tgcttttagtt tatgacaata 17280
 agctaaaagc acacaaggat aagtcagctc aatgcttcaa aatgttctac aaagggtgta 17340
 ttacacatga tgtttcatct gcaatcaaca gacctcaaat aggcgttgta agagaatttc 17400
 ttacacgcaa tcctgcttgg agaaaagctg tttttatctc accttataat tcacagaacg 17460
 ctgtagcttc aaaaatctta ggattgccta cgcagactgt tgattcatca cagggttctg 17520
 aatatgacta tgtcatattc acacaaacta ctgaaacagc acactcttgt aatgtcaacc 17580
 gcttcaatgt ggctatcaca agggcaaaaa ttggcatttt gtgcataatg tctgatagag 17640
 atctttatga caaactgcaa tttaacaagtc tagaaatacc acgtcgcaat gtggctacat 17700
 tacaagcaga aaatgtaact ggacttttta aggactgtag taagatcatt actggtcttc 17760
 atcctacaca ggcacctaca cacctcagcg ttgatataaa gttcaagact gaaggattat 17820
 gtgttgacat accaggcata ccaaaggaca tgacctaccg tagactcatc tctatgatgg 17880
 gtttcaaaat gaattaccaa gtcaatgggt accctaatat gtttatcacc cgcgaagaag 17940
 ctattcgtca cgttcgtgcg tggattggct ttgatgtaga gggctgtcat gcaactagag 18000
 atgctgtggg tactaaccta cctctccagc taggattttc tacagggtgtt aacttagtag 18060
 ctgtaccgac tggttatgtt gacactgaaa ataacacaga attcaccaga gttaatgcaa 18120
 aacctccacc aggtgaccag tttaaaccatc ttataccact catgtataaa ggcttgccct 18180
 ggaatgtagt gcgtattaag atagtacaaa tgctcagtga tacactgaaa ggattgtcag 18240
 acagagtcgt gttcgtcctt tgggctcatg gctttgagct tacatcaatg aagtactttg 18300
 tcaagattgg acctgaaaga acgtgttgct tgtgtgacaa acgtgcaact tgcttttcta 18360
 cttcatcaga tacttatgcc tgctggaatc attctgtggg ttttgactat gtctataacc 18420
 catttatgat tgatgttcag cagtggggct ttacgggtaa ctttcagagt aaccatgacc 18480
 aacattgcca ggtacatgga aatgcacatg tggctagtgt tgatgctatc atgactagat 18540
 gtttagcagt ccatgagtg cttgttaagc gcgttgattg gtctgttgaa taccctatta 18600
 taggagatga actgagggtt aattctgctt gcagaaaagt acaacacatg gttgtgaagt 18660

S226CAS108.ST25

ctgcattgct tgctgataag tttccagttc ttcattgacat tggaaatcca aaggctatca	18720
agtgtgtgcc tcaggctgaa gtagaatgga agttctacga tgctcagcca tgtagtgaca	18780
aagcttaca aatagaggaa ctcttctatt cttatgctac acatcacgat aaattcactg	18840
atggtgtttg tttgttttgg aattgtaacg ttgatcgta cccagccaat gcaattgtgt	18900
gtaggtttga cacaagagtc ttgtcaaact tgaacttacc aggctgtgat ggtggtagtt	18960
tgtatgtgaa taagcatgca ttccacactc cagctttcga taaaagtgca tttactaatt	19020
taaagcaatt gcctttcttt tactattctg atagtccttg tgagtctcat ggcaaacaag	19080
tagtgtcgga tattgattat gttccactca aatctgctac gtgtattaca cgatgcaatt	19140
taggtggtgc tgtttgcaga cccatgcaa atgagtaccg acagtacttg gatgcatata	19200
atatgatgat ttctgctgga tttagcctat ggatttaca acaatttgat acttataacc	19260
tgtggaatac atttaccagg ttacagagtt tagaaaaatgt ggcttataat gttgttaata	19320
aaggacactt tgatggacac gccggcgaag cacctgtttc catcattaat aatgctgttt	19380
acacaaaggt agatggtatt gatgtggaga tctttgaaaa taagacaaca cttcctgtta	19440
atgttgcatt tgagcttttg gctaagcgta acattaaacc agtgccagag attaagatac	19500
tcaataattt ggggtgttgat atcgctgcta atactgtaat ctgggactac aaaagagaag	19560
ccccagcaca tgtatctaca ataggtgtct gcacaatgac tgacattgcc aagaaaccta	19620
ctgagagtgc ttgttcttca cttactgtct tgtttgatgg tagagtggaa ggacaggtag	19680
acctttttag aaacgcccgt aatggtgttt taataacaga aggttcagtc aaaggtctaa	19740
caccttcaa gggaccagca caagctagcg tcaatggagt cacattaatt ggagaatcag	19800
taaaaacaca gtttaactac ttttaagaaag tagacggcat tattcaacag ttgcctgaaa	19860
cctactttac tcagagcaga gacttagagg attttaagcc cagatcaca atggaaaactg	19920
actttctcga gctcgctatg gatgaattca tacagcgata taagctcgag ggctatgcct	19980
tcgaacacat cgtttatgga gatttcagtc atggacaact tggcgggtctt catttaatga	20040
taggcttagc caagcgctca caagattcac cacttaaatt agaggatttt atccctatgg	20100
acagcacagt gaaaaattac ttcataacag atgacgaaac aggttcatca aaatgtgtgt	20160
gttctgtgat tgatctttta cttgatgact ttgtcgagat aataaagtca caagatttgt	20220
cagtgatttc aaaagtggc aaggttaca ttgactatgc tgaaatttca ttcattgcttt	20280
ggtgtaagga tggacatgtt gaaaccttct acccaaaact acaagcaagt caagcgtggc	20340
aaccagggtg tgcatgcct aacttgta agatgcaaag aatgcttctt gaaaagtgtg	20400
accttcagaa ttatggtgaa aatgctgtta taccaaaagg aataatgatg aatgtcgcaa	20460
agtatactca actgtgtcaa tacttaata cacttacttt agctgtaccc tacaacatga	20520
gagttattca ctttggtgct ggctctgata aaggagttgc accagggtaca gctgtgctca	20580
gacaatggtt gccaaactggc aactacttg tcgattcaga tcttaatgac ttcgtctccg	20640
acgcagattc tactttaatt ggagactgtg caacagtaca tacggctaata aaatgggacc	20700

S226CAS108.ST25

ttattattag cgatatgtat gaccctagga ccaaacatgt gacaaaagag aatgactcta 20760
aagaaggggtt tttcacttat ctgtgtggat ttataaagca aaaactagcc ctgggtgggt 20820
ctatagctgt aaagataaca gagcattctt ggaatgctga cctttacaag cttatgggcc 20880
atttctcatg gtggacagct tttgttaca atgtaaatgc atcatcatcg gaagcatttt 20940
taattggggc taactatctt ggcaagccga aggaacaaat tgatggctat accatgcatg 21000
ctaactacat tttctggagg aacacaaatc ctatccagtt gtcttcctat tcactctttg 21060
acatgagcaa atttctctt aaattaagag gaactgctgt aatgtctctt aaggagaatc 21120
aaatcaatga tatgatttat tctcttctg aaaaaggtag gcttatcatt agagaaaaca 21180
acagagttgt ggtttcaagt gatattcttg ttaacaacta a 21221

<210> 32

<211> 297

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 32
atggacccca atcaaacc aa cgtagtgccc cccgcattac atttggtgga cccacagatt 60
caactgacaa taaccagaat ggaggacgca atggggcaag gccaaaacag cgccgacccc 120
aaggtttacc caataatact gcgtcttggt tcacagctct cactcagcat ggcaaggagg 180
aacttagatt ccctcgaggc cagggcggtc caatcaacac caatagtggg ccagatgacc 240
aaattggcta ctaccgaaga gctacccgac gagttcgtgg tggtgacggc aaaatga 297

<210> 33

<211> 98

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 33

Met Asp Pro Asn Gln Thr Asn Val Val Pro Pro Ala Leu His Leu Val
1 5 10 15

Asp Pro Gln Ile Gln Leu Thr Ile Thr Arg Met Glu Asp Ala Met Gly
20 25 30

Gln Gly Gln Asn Ser Ala Asp Pro Lys Val Tyr Pro Ile Ile Leu Arg
35 40 45

Leu Gly Ser Gln Leu Ser Leu Ser Met Ala Arg Arg Asn Leu Asp Ser
50 55 60

S226CAS108.ST25

Leu Glu Ala Arg Ala Phe Gln Ser Thr Pro Ile Val Val Gln Met Thr
 65 70 75 80

Lys Leu Ala Thr Thr Glu Glu Leu Pro Asp Glu Phe Val Val Val Thr
 85 90 95

Ala Lys

<210> 34

<211> 213

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 34

atgctgccac cgtgctacaa cttcctcaag gaacaacatt gccaaaaggc ttctacgcag 60
 aggggaagcag aggcggcagt caagcctctt ctcgctcctc atcacgtagt cgcggttaatt 120
 caagaaattc aactcctggc agcagtaggg gaaattctcc tgctcgaatg gctagcggag 180
 gtggtgaaac tgccctcgcg ctattgctgc tag 213

<210> 35

<211> 70

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 35

-----Met-Leu-Pro-Pro-Cys-Tyr-Asn-Phe-Leu-Lys-Glu-Gln-His-Cys-Gln Lys
 1 5 10 15

Ala Ser Thr Gln Arg Glu Ala Glu Ala Val Lys Pro Leu Leu Ala
 20 25 30

Pro His His Val Val Ala Val Ile Gln Glu Ile Gln Leu Ala Ala
 35 40 45

Val Gly Glu Ile Leu Leu Leu Glu Trp Leu Ala Glu Val Val Lys Leu
 50 55 60

Pro Ser Arg Tyr Cys Cys
 65 70

<210> 36

S226CAS108.ST25

<211> 1377

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<220>

<221> CDS

<222> (67)..(1335)

<223>

```

<400> 36
atgaagggtca ccaaactgct gcatttagag acgtacttgt tgttttaaataaacgaacaa 60
attaaaa atg tct gat aat gga ccc caa tca aac caa cgt agt gcc ccc 108
      Met Ser Asp Asn Gly Pro Gln Ser Asn Gln Arg Ser Ala Pro
      1          5          10
cgc att aca ttt ggt gga ccc aca gat tca act gac aat aac cag aat 156
Arg Ile Thr Phe Gly Gly Pro Thr Asp Ser Thr Asp Asn Asn Gln Asn
15          20          25          30
gga gga cgc aat ggg gca agg cca aaa cag cgc cga ccc caa ggt tta 204
Gly Gly Arg Asn Gly Ala Arg Pro Lys Gln Arg Arg Pro Gln Gly Leu
35          40          45
ccc aat aat act gcg tct tgg ttc aca gct ctc act cag cat ggc aag 252
Pro Asn Asn Thr Ala Ser Trp Phe Thr Ala Leu Thr Gln His Gly Lys
50          55          60
gag gaa ctt aga ttc cct cga ggc cag ggc gtt cca atc aac acc aat 300
Glu Glu Leu Arg Phe Pro Arg Gly Gln Gly Val Pro Ile Asn Thr Asn
65          70          75
agt ggt cca gat gac caa att ggc tac tac cga aga gct acc cga cga 348
Ser Gly Pro Asp Asp Gln Ile Gly Tyr Tyr Arg Arg Ala Thr Arg Arg
80          85          90
gtt cgt ggt ggt gac ggc aaa atg aaa gag ctc agc ccc aga tgg tac 396
Val Arg Gly Gly Asp Gly Lys Met Lys Glu Leu Ser Pro Arg Trp Tyr
95          100          105          110
ttc tat tac cta gga act ggc cca gaa gct tca ctt ccc tac ggc gct 444
Phe Tyr Tyr Leu Gly Thr Gly Pro Glu Ala Ser Leu Pro Tyr Gly Ala
115          120          125
aac aaa gaa ggc atc gta tgg gtt gca act gag gga gcc ttg aat aca 492
Asn Lys Glu Gly Ile Val Trp Val Ala Thr Glu Gly Ala Leu Asn Thr
130          135          140
ccc aaa gac cac att ggc acc cgc aat cct aat aac aat gct gcc acc 540
Pro Lys Asp His Ile Gly Thr Arg Asn Pro Asn Asn Asn Ala Ala Thr
145          150          155
gtg cta caa ctt cct caa gga aca aca ttg cca aaa ggc ttc tac gca 588
Val Leu Gln Leu Pro Gln Gly Thr Thr Leu Pro Lys Gly Phe Tyr Ala
160          165          170
gag gga agc aga ggc ggc agt caa gcc tct tct cgc tcc tca tca cgt 636
Glu Gly Ser Arg Gly Gly Ser Gln Ala Ser Ser Arg Ser Ser Ser Arg
175          180          185          190

```

S226CAS108.ST25

agt cgc ggt aat tca aga aat tca act cct ggc agc agt agg gga aat	684
Ser Arg Gly Asn Ser Arg Asn Ser Thr Pro Gly Ser Ser Arg Gly Asn	
195 200 205	
tct cct gct cga atg gct agc gga ggt ggt gaa act gcc ctc gcg cta	732
Ser Pro Ala Arg Met Ala Ser Gly Gly Gly Glu Thr Ala Leu Ala Leu	
210 215 220	
ttg ctg cta gac aga ttg aac cag ctt gag agc aaa gtt tct ggt aaa	780
Leu Leu Leu Asp Arg Leu Asn Gln Leu Glu Ser Lys Val Ser Gly Lys	
225 230 235	
ggc caa caa caa caa ggc caa act gtc act aag aaa tct gct gct gag	828
Gly Gln Gln Gln Gln Gly Gln Thr Val Thr Lys Lys Ser Ala Ala Glu	
240 245 250	
gca tct aaa aag cct cgc caa aaa cgt act gcc aca aaa cag tac aac	876
Ala Ser Lys Lys Pro Arg Gln Lys Arg Thr Ala Thr Lys Gln Tyr Asn	
255 260 270	
gtc act caa gca ttt ggg aga cgt ggt cca gaa caa acc caa gga aat	924
Val Thr Gln Ala Phe Gly Arg Arg Gly Pro Glu Gln Thr Gln Gly Asn	
275 280 285	
ttc ggg gac caa gac cta atc aga caa gga act gat tac aaa cat tgg	972
Phe Gly Asp Gln Asp Leu Ile Arg Gln Gly Thr Asp Tyr Lys His Trp	
290 295 300	
ccg caa att gca caa ttt gct cca agt gcc tct gca ttc ttt gga atg	1020
Pro Gln Ile Ala Gln Phe Ala Pro Ser Ala Ser Ala Phe Phe Gly Met	
305 310 315	
tca cgc att ggc atg gaa gtc aca cct tcg gga aca tgg ctg act tat	1068
Ser Arg Ile Gly Met Glu Val Thr Pro Ser Gly Thr Trp Leu Thr Tyr	
320 325 330	
cat gga gcc att aaa ttg gat gac aaa gat cca caa ttc aaa gac aac	1116
His Gly Ala Ile Lys Leu Asp Asp Lys Asp Pro Gln Phe Lys Asp Asn	
335 340 345 350	
gtc ata ctg ctg aac aag cac att gac gca tac aaa aca ttc cca cca	1164
Val Ile Leu Leu Asn Lys His Ile Asp Ala Tyr Lys Thr Phe Pro Pro	
355 360 365	
aca gag cct aaa aag gac aaa aag aaa aag act gat gaa gct cag cct	1212
Thr Glu Pro Lys Lys Asp Lys Lys Lys Lys Thr Asp Glu Ala Gln Pro	
370 375 380	
ttg ccg cag aga caa aag aag cag ccc act gtg act ctt ctt cct gcg	1260
Leu Pro Gln Arg Gln Lys Lys Gln Pro Thr Val Thr Leu Leu Pro Ala	
385 390 395	
gct gac atg gat gat ttc tcc aga caa ctt caa aat tcc atg agt gga	1308
Ala Asp Met Asp Asp Phe Ser Arg Gln Leu Gln Asn Ser Met Ser Gly	
400 405 410	
gct tct gct gat tca act cag gca taa acactcatga tgaccacaca	1355
Ala Ser Ala Asp Ser Thr Gln Ala	
415 420	
aggcagatgg gctatgtaaa cg	1377

<210> 37

<211> 422

S226CAS108.ST25

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 37

Met Ser Asp Asn Gly Pro Gln Ser Asn Gln Arg Ser Ala Pro Arg Ile
1 5 10 15

Thr Phe Gly Gly Pro Thr Asp Ser Thr Asp Asn Asn Gln Asn Gly Gly
20 25 30

Arg Asn Gly Ala Arg Pro Lys Gln Arg Arg Pro Gln Gly Leu Pro Asn
35 40 45

Asn Thr Ala Ser Trp Phe Thr Ala Leu Thr Gln His Gly Lys Glu Glu
50 55 60

Leu Arg Phe Pro Arg Gly Gln Gly Val Pro Ile Asn Thr Asn Ser Gly
65 70 75 80

Pro Asp Asp Gln Ile Gly Tyr Tyr Arg Arg Ala Thr Arg Arg Val Arg
85 90 95

Gly Gly Asp Gly Lys Met Lys Glu Leu Ser Pro Arg Trp Tyr Phe Tyr
100 105 110

Tyr Leu Gly Thr Gly Pro Glu Ala Ser Leu Pro Tyr Gly Ala Asn Lys
115 120 125

Glu Gly Ile Val Trp Val Ala Thr Glu Gly Ala Leu Asn Thr Pro Lys
130 135 140

Asp His Ile Gly Thr Arg Asn Pro Asn Asn Asn Ala Ala Thr Val Leu
145 150 155 160

Gln Leu Pro Gln Gly Thr Thr Leu Pro Lys Gly Phe Tyr Ala Glu Gly
165 170 175

Ser Arg Gly Gly Ser Gln Ala Ser Ser Arg Ser Ser Arg Ser Arg
180 185 190

Gly Asn Ser Arg Asn Ser Thr Pro Gly Ser Ser Arg Gly Asn Ser Pro
195 200 205

Ala Arg Met Ala Ser Gly Gly Gly Glu Thr Ala Leu Ala Leu Leu Leu
210 215 220

Leu Asp Arg Leu Asn Gln Leu Glu Ser Lys Val Ser Gly Lys Gly Gln
225 230 235 240

S226CAS108.ST25

```

agtgggtccag atgaccaaatt tggctactac cgaagagcta cccgacgagt tcgtggtggt 360
gacggcaaaa tgaaagagct cagccccaga tgggtacttct attacctagg aactggccca 420
gaagcttcac ttccctacgg cgctaacaaa gaaggcatcg tatgggttgc aactgagggg 480
gccttgaata cacccaaaga ccacattggc acccgcaatc ctaataacaa tgctgccacc 540
gtgctacaac ttctcaagg aacaacattg ccaaaaggct tctacgcaga ggggaagcaga 600
ggcggcagtc aagcctcttc tcgctcctca tcacgtagtc gcggtaatc aagaaattca 660
actcctggca gcagtagggg aaattctcct gctcgaatgg ctagcggagg tggtgaaact 720
gccctcgcgc tattgctgct agacagattg aaccagcttg agagcaaagt ttctggtaaa 780
ggccaacaac aacaaggcca aactgtcact aagaaatctg ctgctgaggc atctaaaaag 840
cctcgccaaa aacgtactgc cacaaaacag tacaacgtca ctcaagcatt tgggagacgt 900
ggtccagaac aaaccaagg aaatttcggg gaccaagacc taatcagaca aggaactgat 960
tacaacatt ggccgcaaatt tgcacaattt gctccaagtg cctctgcatt ctttggaatg 1020
tcacgcattg gcatggaagt cacaccttcg ggaacatggc tgacttatca tggagccatt 1080
aaattggatg acaaagatcc acaattcaaa gacaacgtca tactgctgaa caagcacatt 1140
gacgcataca aaacattccc accaacagag cctaaaaagg acaaaaagaa aaagactgat 1200
gaagctcagc ctttgccgca gagacaaaag aagcagccca ctgtgactct tcttcctgcy 1260
gctgacatgg atgatttctc cagacaactt caaaattcca tgagtggagc ttctgctgat 1320
tcaactcagg cataaacact catgatgacc acacaaggca gatgggctat gtaaacg 1377

```

<210> 39

<211> 204

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 39

```

atattaggtt ttacctacc caggaaaagc caaccaacct cgatctcttg tagatctggt 60
ctctaaacga actttaaaat ctgtgtagct gtcgctcggc tgcatgccta gtgcacctac 120
gcagtataaa caataataaa ttttactgtc gttgacaaga aacgagtaac tcgtccctct 180
tctgcagact gcttacgggt tcgt 204

```

<210> 40

<211> 809

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS



S226CAS108.ST25

<400> 40
 actcaagcat ttgggagacg tgggtccagaa caaacccaag gaaatttcgg ggaccaagac 60
 ctaatcagac aaggaactga ttacaaacat tggccgcaaa ttgcacaatt tgctccaagt 120
 gcctctgcat tctttggaat gtcacgcatt ggcattggaag tcacaccttc gggaacatgg 180
 ctgacttattc atggagccat taaattggat gacaaagatc cacaattcaa agacaacgtc 240
 atactgctga acaagcacat tgacgcatac aaaacattcc caccaacaga gcctaaaaag 300
 gacaaaaaga aaaagactga tgaagctcag cctttgccgc agagacaaaa gaagcagccc 360
 actgtgactc ttcttcctgc ggctgacatg gatgatttct ccagacaact tcaaaattcc 420
 atgagtggag cttctgctga ttcaactcag gcataaacac tcatgatgac cacacaaggc 480
 agatgggcta tgtaaactgt ttcgcaattc cgtttacgat acatagtcta ctcttggtga 540
 gaatgaattc tcgtaactaa acagcacaaag taggttttagt taactttaat ctcacatagc 600
 aatctttaat caatgtgtaa cattagggag gacttgaaag agccaccaca ttttcacgca 660
 ggccacgcgg agtacgatcg agggtagagt gaataatgct agggagagct gcctatatgg 720
 aagagcccta atgtgtaaaa ttaatttttag tagtgctatc cccatgtgat ttaatatagct 780
 tcttaggaga atgacaaaaa aaaaaaaaaa 809

<210> 41

<211> 448

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 41
 aatgaacaca tagggctggt caagctgggg cagtacgcct ttttccagct ctactagacc 60
 acaagtgcc aattttgaggt gttcacgtgc ctccgatagg gcctcttcca cagagtcccc 120
 gaagccacgc actagcacgt ctctaacctg aaggacaggc aaactgagtt ggacgtgtgt 180
 tttctcggtg acaccaagaa caaggctctc catcttacct ttcggtcaca cccggacgaa 240
 acctaggtat gctgatgatc gactgcaaca cggacgaaac cgtaagcagt ctgcagaaga 300
 gggacgagtt actcgtttct tgtcaacgac agtaaaattt attattgttt atactgcgta 360
 ggtgcactag gcatgcagcc gagcgacagc tacacagatt ttaaagttcg tttagagaac 420
 agatctacaa gagatcgagg ttggttgg 448

<210> 42

<211> 2033

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

S226CAS108.ST25

<400> 42
 atacctaggt ttcgtccggg tgtgaccgaa aggtaagatg gagagccttg ttcttggtgt 60
 caacgagaaa acacacgtcc aactcagttt gcctgtcctt caggtagag acgtgctagt 120
 gcgtggcttc ggggactctg tggaagaggc cctatcggag gcacgtgaac acctcaaaaa 180
 tggcacttgt ggtctagtag agctggaaaa aggcgtactg cccagcttg aacagcccta 240
 tgtgttcatt aaacgttctg atgccttaag caccaatcac ggccacaagg tcgttgagct 300
 ggttgacgaa atggacggca ttcagtacgg tcgtagcggg ataacttg gagtactcgt 360
 gccacatgtg ggcgaaaccc caattgcata ccgcaatgtt cttcttcgta agaacggtaa 420
 taaggagacc ggtggtcata gctatggcat cgatctaaag tcttatgact taggtgacga 480
 gcttggcact gatcccatg aagattatga acaaaactgg aacactaagc atggcagtg 540
 tgcactccgt gaactcactc gtgagctcaa tggaggtgca gtcactcgt atgtcgacaa 600
 caatttctgt ggcccagatg ggtaccctct tgattgcac aaagattttc tcgcacgcgc 660
 gggcaagtca atgtgcactc tttccgaaca acttgattac atcgagtcga agagaggtgt 720
 ctactgctgc cgtgaccatg agcatgaaat tgcttggttc actgagcgt ctgataagag 780
 ctacgagcac cagacacctc tcgaaattaa gagtgccaaag aaatttgaca ctttcaaagg 840
 ggaatgccca aagtttgtgt ttcctcttaa ctcaaaagtc aaagtcattc aaccacgtgt 900
 tgaaaagaaa aagactgagg gtttcatggg gcgtatacgc tctgtgtacc ctgttgcatc 960
 tccacaggag tgtaacaata tgcacttgtc taccttgatg aaatgtaatc attgcatga 1020
 agtttcatgg cagacgtgcg actttctgaa agccacttgt gaacattgtg gcactgaaaa 1080
 tttagttatt gaaggacctc ctacatgtgg gtacctacct actaatgctg tagtgaaaat 1140
 gccatgtcct gcctgtcaag acccagagat tggacctgag catagtgttg cagattatca 1200
 caaccactca aacattgaaa ctgcactccg caagggaggt aggactagat gttttggagg 1260
 ctgtgtgttt gcctatgttg gctgctataa taagcgtgcc tactgggttc ctctgtctag 1320
 tgctgatatt ggctcaggcc atactggcat tactgggtgac aatgtggaga ccttgaatga 1380
 ggatctcctt gagatactga gtcgtgaacg tgttaacatt aacattgttg gcgattttca 1440
 tttgaatgaa gaggttgcca tcattttggc atctttctct gcttctacaa gtgcctttat 1500
 tgacactata aagagtcttg attacaagtc tttcaaaacc attgttgagt cctgcggtaa 1560
 ctataaagtt accaaggga agcccgtaaa aggtgcttg aacattggac aacagagatc 1620
 agttttaaca ccactgtgtg gttttccctc acaggctgct ggtgttatca gatcaatttt 1680
 tgcgcgcaca cttgatgcag caaacactc aattcctgat ttgcaaagag cagctgtcac 1740
 catacttgat ggtatttctg aacagtcatt acgtcttgtc gacgccatgg tttatacttc 1800
 agacctgctc accaacagtg tcattattat ggcataatga actggtggtc ttgtacaaca 1860
 gacttctcag tggttgctta atcttttggg cactactgtt gaaaaactca ggcctatctt 1920
 tgaatggatt gaggcgaaac ttagtgcagg agttgaattt ctcaaggatg cttgggagat 1980
 tctcaaattt ctcatlacag gtgtttttga catcgtcaag ggtcaaatac agg 2033

S226CAS108.ST25

<210> 43

<211> 2018

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 43

```

ggattgaggc gaaacttagt gcaggagttg aatttctcaa ggatgcttgg gagattctca    60
aatttctcat tacagggtgtt ttgacatcg tcaaggggtca aatacagggt gcttcagata    120
acatcaagga ttgtgtaaaa tgcttcattg atgttggttaa caaggcactc gaaatgtgca    180
ttgatcaagt cactatcgct ggcgcaaagt tgcgatcact caacttaggt gaagtcttca    240
tcgctcaaa gcaagggactt taccgtcagt gtatacgtgg caaggagcag ctgcaactac    300
tcatgcctct taaggcacca aaagaagtaa ctttcttga aggtgattca catgacacag    360
tacttacctc tgaggagggtt gttctcaaga acggtgaact cgaagcactc gagacgcccg    420
ttgatagctt cacaatgga gctatcggtg gcacaccagt ctgtgtaa at ggccctcatgc    480
tcttagagat taaggacaaa gaacaatact gcgcattgtc tcctgggtta ctggctacaa    540
acaatgtctt tcgcttaaaa ggggggtgcac caattaaagg tgtaaccttt ggagaagata    600
ctgtttggga agttcaaggt tacaagaatg tgagaatcac atttgagctt gatgaacgtg    660
ttgacaaagt gcttaatgaa aagtgtctctg tctacactgt tgaatccggt accgaagtta    720
ctgagtttgc atgtgttgta gcagaggctg ttgtgaagac tttaacca gtttctgac    780
tccttaccaa catgggtatt gatcttgatg agtggagtgt agctacattc tacttatttg    840
atgatgctgg tgaagaaaac ttttcatcac gtatgtattg ttctttttac cctccagatg    900
aggaagaaga ggacgatgca gagtgtgagg aagaagaaat tgatgaaacc tgtgaacatg    960
agtacggtac agaggatgat tatcaagggtc tccctctgga atttggtgcc tcagctgaaa   1020
cagttcgagt tgaggaagaa gaagaggaag actggctgga tgatactact gagcaatcag   1080
agattgagcc agaaccagaa cctacacctg aagaaccagt taatcagttt actggttatt   1140
taaaacttac tgacaatgtt gccattaaat gtgttgacat cgtaaggag gcacaaagtg   1200
ctaactctat ggtgattgta aatgctgcta acatacacct gaaacatggt ggtggtgtag   1260
caggtgcact caacaaggca accaatggtg ccatgcaaaa ggagagtgat gattacatta   1320
agctaaatgg ccctcttaca gtaggaggggt cttgtttgct ttctggacat aatcttgcta   1380
agaagtgtct gcatgttggt ggacctaac taaatgcagg tgaggacatc cagcttctta   1440
aggcagcata tgaaaatttc aattcacagg acatcttact tgcaccattg ttgtcagcag   1500
gcatatttgg tgctaaacca cttcagtctt tacaagtgtg cgtgcagacg gttcgtacac   1560
aggtttatat tgcagtcaat gacaaagctc tttatgagca ggttgtcatg gattatcttg   1620
ataacctgaa gcctagagtg gaagcaccta aacaagagga gccaccaa acagaagatt   1680

```

S226CAS108.ST25

ccaaaaactga ggagaaatct gtcgtacaga agcctgtcga tgtgaagcca aaaattaagg 1740
 cctgcattga tgaggttacc acaacactgg aagaaactaa gtttcttacc aataagttac 1800
 tcttgtttgc tgatatcaat ggtaagcttt accatgattc tcagaacatg cttagagggtg 1860
 aagatatgtc tttccttgag aaggatgcac cttacatggt aggtgatgtt atcactagtg 1920
 gtgatatcac ttgtgttgta atacctcca aaaaggctgg tggcactact gagatgctct 1980
 caagagcttt gaagaaagtg ccagttgatg agtatata 2018

<210> 44

<211> 1442

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 44
 ttgatgagggt taccacaaca ctggaagaaa ctaagtttct taccaataag ttactcttgt 60
 ttgctgatat caatggtaag ctttaccatg attctcagaa catgcttaga ggtgaagata 120
 tgtctttcct tgagaaggat gcaccttaca tggtaggtga tgttatcact agtggtgata 180
 tcacttggtg tgtaataccc tccaaaaagg ctggtggcac tactgagatg ctctcaagag 240
 ctttgaagaa agtgccagtt gatgagtata taaccacgta ccctggacaa ggatgtgctg 300
 gttatacact tgaggaagct aagactgctc ttaagaaatg caaatctgca ttttatgtac 360
 taccttcaga agcaccta at gctaaggaag agattctagg aactgtatcc tgggaatttga 420
 gagaaatgct tgctcatgct gaagagacaa gaaaattaat gcctatatgc atggatgtta 480
 gagccataat ggcaaccatc caacgtaagt ataaaggaat taaaattcaa gagggcatcg 540
 ttgactatgg tgtccgattc ttcttttata ctagtaaaga gcctgtagct tctattatta 600
 cgaagctgaa ctctctaaat gagccgcttg tcacaatgcc aattgggtat gtgacacatg 660
 gttttaatct tgaagaggct gcgcgctgta tgcgttctct taaagctcct gccgtagtgt 720
 cagtatcatc accagatgct gttactacat ataatggata cctcacttcg tcatcaaaga 780
 catctgagga gcactttgta gaaacagttt ctttggctgg ctcttacaga gattggctct 840
 attcaggaca gcgtacagag ttaggtgttg aatttcttaa gcgtgggtgac aaaatttgtg 900
 accacactct ggagagcccc gtcgagtttc atcttgacgg tgaggttctt tcacttgaca 960
 aactaaagag tctcttatcc ctgcgggagg ttaagactat aaaagtgttc acaactgtgg 1020
 acaacactaa tctccacaca cagcttgagg atatgtctat gacatatgga cagcagtttg 1080
 gtccaacata cttggatggg gctgatgtta caaaaattaa acctcatgta aatcatgagg 1140
 gtaagacttt ctttgtacta cctagtgatg acacactacg tagtgaagct ttcgagtact 1200
 accatactct tgatgagagt tttcttggtg ggtacatgtc tgctttaaac cacacaaaga 1260
 aatggaaatt tcctcaagtt ggtgggttaa cttcaattaa atgggctgat aacaattgtt 1320

S226CAS108.ST25

atttgtctag tgttttatta gcacttcaac agcttgaagt caaattcaat gcaccagcac	1380
ttcaagaggc ttattataga gcccgtgctg gtgatgctgc taacttttgt gcactcatac	1440
tc	1442

<210> 45

<211> 1050

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 45

atatgtctat gacatatgga cagcagtttg gtccaacata cttggatggt gctgatgtta	60
caaaaattaa acctcatgta aatcatgagg gtaagacttt ctttgtacta cctagtgatg	120
acacactacg tagtgaagct ttcgagtact accatactct tgatgagagt tttcttggtg	180
ggtacatgtc tgctttaaac cacacaaaga aatggaaatt tcctcaagtt ggtgggttaa	240
cttcaattaa atgggctgat aacaattggt atttgtctag tgttttatta gcacttcaac	300
agcttgaagt caaattcaat gcaccagcac ttcaagaggc ttattataga gcccgtgctg	360
gtgatgctgc taacttttgt gcactcatac tcgcttacag taataaaact gttggcgagc	420
ttggtgatgt cagagaaact atgaccatc ttctacagca tgctaatttg gaatctgcaa	480
agcgagttct taatgtggtg tgtaaacatt gtggtcagaa aactactacc ttaacgggtg	540
tagaagctgt gatgtatatg ggtactctat cttatgataa tcttaagaca ggtgtttcca	600
ttccatgtgt gtgtggtcgt gatgctacac aatatctagt acaacaagag tcttcttttg	660
ttatgatgtc tgcaccacct gctgagtata aattacagca aggtacattc ttatgtgcga	720
atgagtacac tggttaactat cagtgtggtc attacactca tataactgct aaggagacct	780
tctatcgat tgacggagct caccttaca agatgtcaga gtacaaagga ccagtgactg	840
atgttttcta caaggaaaca tcttactact caaccatcaa gcctgtgtcg tataaactcg	900
atggagttac ttacacagag attgaaccaa aattggatgg gtattataaa aaggataatg	960
cttactatac agagcagcct atagaccttg taccaactca accattacca aatgcgagtt	1020
ttgataattt caaactcaca tgttctaaca	1050

<210> 46

<211> 1995

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 46

tttgtgcact catactcgct tacagtaata aaactgttgg cgagcttggt gatgtcagag	60
---	----

S226CAS108.ST25

aaactatgac ccattcttcta cagcatgcta atttggaatc tgcaaagcga gttcttaatg	120
tggtgtgtaa acattgtggt cagaaaacta ctaccttaac ggggtgtagaa gctgtgatgt	180
atatgggtac tctatcttat gataatctta agacaggtgt ttccattcca tgtgtgtgtg	240
gtcgtgatgc tacacaatat ctagtacaac aagagtcttc ttttgttatg atgtctgcac	300
cacctgctga gtataaatta cagcaaggta cattcttatg tgcgaatgag tacactggta	360
actatcagtg tggtcattac actcatataa ctgctaagga gacctctat cgtattgacg	420
gagctcacct tacaagatg tcagagtaca aaggaccagt gactgatgtt ttctacaagg	480
aaacatctta cactacaacc atcaagcctg tgtcgtataa actcgatgga gttacttaca	540
cagagattga accaaaattg gatgggtatt ataaaaagga taatgcttac tatacagagc	600
agcctataga ctttgtacca actcaaccat taccaaatgc gagttttgat aatttcaaac	660
tcacatgttc taacacaaaa tttgctgatg atttaaataa aatgacaggc ttcacaaagc	720
cagcttcacg agagctatct gtcacattct tcccagactt gaatggcgat gtagtggcta	780
ttgactatag acactattca gcgagtttca agaaagggtgc taaattactg cataagccaa	840
ttgtttggca cattaaccag gctacaacca agacaacgtt caaaccaaac acttgggtgtt	900
tacgttgtct ttggagtaca aagccagtag atacttcaaa ttcatttgaa gttctggcag	960
tagaagacac acaaggaatg gacaatcttg cttgtgaaag tcaacaaccc acctctgaag	1020
aagtagtgga aaatcctacc atacagaagg aagtcataga gtgtgacgtg aaaactaccg	1080
aagttgtagg caatgtcata cttaaaccat cagatgaagg tgttaaagta acacaagagt	1140
taggtcatga ggatcttatg gctgcttatg tggaaaacac aagcattacc attaagaaac	1200
ctaagagct ttcactagcc ttaggtttta aaacaattgc cactcatggt attgctgcaa	1260
ttaatagtgt tccttggagt aaaattttgg cttatgtcaa accattctta ggacaagcag	1320
caattacaac atcaaattgc gctaagagat tagcacaacg tgtgtttaac aattatatgc	1380
cttatgtgtt tacattattg ttccaattgt gtacttttac taaaagtacc aattctagaa	1440
ttagagcttc actacctaca actattgcta aaaatagtgt taagagtgtt gctaaattat	1500
gtttggatgc cggcattaat tatgtgaagt cacccaaatt ttctaaattg ttcacaatcg	1560
ctatgtggct attgttggtta agtatttgct taggttctct aatctgtgta actgctgctt	1620
ttggtgtact cttatctaatt tttggtgctc cttcttattg taatggcggt agagaattgt	1680
atcttaattc gtctaacgtt actactatgg atttctgtga aggttctttt ccttgcagca	1740
tttgtttaag tggattagac tcccttgatt cttatccagc tcttgaaacc attcagggtga	1800
cgatttcacg gtacaagcta gacttgacaa ttttaggtct ggccgctgag tgggttttgg	1860
catatatgtt gttcacaaaa ttcttttatt tattaggtct tttagctata atgcagggtgt	1920
tctttggcta ttttgctagt catttcatca gcaattcttg gctcatgtgg tttatcatta	1980
gtattgtaca aatgg	1995

S226CAS108.ST25

<210> 47

<211> 1884

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 47

```

aattcttggc tcatgtgggt tatcattagt attgtacaaa tggcaccgt ttctgcaatg      60
gttaggatgt acatcttctt tgcttctttc tactacatat ggaagagcta tgttcatatc    120
atggatgggt gcacctcttc gacttgcatt atgtgctata agcgcaatcg tgccacacgc     180
gttgagtgtg caactattgt taatggcatg aagagatctt tctatgtcta tgcaaatgga     240
ggccgtgggt tctgcaagac tcacaattgg aattgtctca attgtgacac attttgcact     300
ggtagtacat tcattagtga tgaagttgct cgtgatttgt cactccagtt taaaagacca     360
atcaacccta ctgaccagtc atcgtatatatt gttgatagtg ttgctgtgaa aaatggcgcg     420
cttcacctct actttgacaa ggctgggtcaa aagacctatg agagacatcc gctctcccat     480
tttgtcaatt tagacaattt gagagctaac aacactaaag gttcactgcc tattaatgtc     540
atagtttttg atggcaagtc caaatgcgac gagtctgctt ctaagtctgc ttctgtgtac     600
tacagtcagc tgatgtgcca acctattctg ttgcttgacc aagctcttgt atcagacggt     660
ggagatagta ctgaagtttc cgtaagatg tttgatgctt atgtcgacac cttttcagca     720
acttttagtg ttcttatgga aaaacttaag gcacttggtg ctacagctca cagcgagtta     780
gcaaaggggt tagctttaga tgggtgtcctt tctacattcg tgtcagctgc cgcacaaggt     840
gttggtgata ccgatgttga cacaaaggat gttattgaat gtctcaaact ttcacatcac     900
tctgacttag aagtgcagag tgacagttgt aacaatttca tgctcaccta taataagggt     960
gaaaacatga cggccagaga tcttggcgca tgtattgact gtaatgcaag gcatatcaat    1020
gcccagtag caaaaagtca caatgtttca ctcatctgga atgtaaaaga ctacatgtct    1080
ttatctgaac agctgcgtaa acaaattcgt agtgctgcca agaagaacaa catacctttt    1140
agactaactt gtgctacaac tagacagggt gtcaatgtca taactactaa aatctcactc    1200
aagggtggta agattgttag tacttgtttt aaacttatgc ttaaggccac attattgtgc    1260
gttcttgctg cattggtttg ttatatcggt atgccagtac atacattgtc aatccatgat    1320
ggttacacaa atgaaatcat tggttacaaa gccattcagg atggtgtcac tcgtgacatc    1380
atcttctactg atgattgttt tgcaataaaa catgctgggt ttgacgcatg gtttagccag    1440
cgtgggtgggt catacaaaaa tgacaaaagc tgccctgtag tagctgctat cattacaaga    1500
gagattgggt tcatagtgcc tggcttaccg ggtactgtgc tgagagcaat caatggtgac    1560
ttcttgcat tttctacctg tgtttttagt gctgttggca acatttgcta cacaccttcc    1620
aaactcattg agtatagtga ttttgctacc tctgcttgcg ttcttgctgc tgagtgtaca    1680
atttttaagg atgctatggg caaacctgtg ccatattgtt atgacactaa ttgctagag    1740

```

S226CAS108.ST25

ggttctat ttt cttatagtga gcttcgtcca gacactcgtt atgtgcttat ggatgggttcc 1800
 atcatacagt ttcctaacac ttacctggag gggtctgtta gagtagtaac aacttttgat 1860
 gctgagtact gtagacatgg taca 1884

<210> 48

<211> 2020

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 48
 cactcgttat gtgcttatgg atgggttccat catacagttt cctaacactt acctggaggg 60
 ttctgttaga gtagtaacaa cttttgatgc tgagtactgt agacatggta catgcgaaag 120
 gtcagaagta ggtat tggcc tatctaccag tggtagatgg gttcttaata atgagcatta 180
 cagagctcta tcaggagttt tctgtggtgt tgatgcatg aatctcatag ctaacatctt 240
 tactcctctt gtgcaacctg tgggtgcttt agatgtgtct gcttcagtag tggctggtgg 300
 tattattgcc atattggtga cttgtgctgc ctactacttt atgaaattca gacgtgtttt 360
 tggtgagtac aaccatgttg ttgctgctaa tgcacttttg tttttgatgt ctttcactat 420
 actctgtctg gtaccagctt acagctttct gccgggagtc tactcagtct tttacttgta 480
 cttgacattc tatttcacca atgatgtttc attcttggct caccttcaat gggttgccat 540
 gttttctcct attgtgcctt tttggataac agcaatctat gtattctgta tttctctgaa 600
 gcactgccat tggttcttta acaactatct taggaaaaga gtcatgttta atggagttac 660
 atttagtacc ttcgaggagg ctgctttgtg tacctttttg ctcaacaagg aaatgtacct 720
 aaaattgcgt agcgagacac tgttgccact tacacagtat aacaggatc ttgctctata 780
 taacaagtac aagtatttca gtggagcctt agatactacc agctatcgtg aagcagcttg 840
 ctgccactta gcaaaggctc taaatgactt tagcaactca ggtgctgatg ttctctacca 900
 accaccacag acatcaatca cttctgctgt tctgcagagt ggtttttagga aaatggcatt 960
 cccgtcaggc aaagt tgaag ggtgcatggg acaagtaacc tgtggaacta caactcttaa 1020
 tggattgtgg ttggatgaca cagtatactg tccaagacat gtcatttgca cagcagaaga 1080
 catgcttaat cctaactatg aagatctgct cattcgcaaa tccaaccata gctttcttgt 1140
 tcaggctggc aatgttcaac ttcgtgttat tggccattct atgcaaaatt gtctgcttag 1200
 gcttaaagtt gatacttcta accctaagac acccaagtat aaatttgccc gtatccaacc 1260
 tgggtcaaaca ttttcagttc tagcatgcta caatgggttca ccatctgggtg tttatcagtg 1320
 tgccatgaga cctaatacata ccattaaagg ttctttcctt aatggatcat gtggtagtgt 1380
 tggttttaac attgattatg attgcgtgtc tttctgctat atgcatcata tggagcttcc 1440
 aacaggagta cacgctggta ctgacttaga aggtaaattc tatgggtccat ttgttgacag 1500

S226CAS108.ST25

acaaactgca caggctgcag gtacagacac aaccataaca ttaaatgttt tggcatggct	1560
gtatgctgct gttatcaatg gtgataggtg gtttcttaat agattcacca ctactttgaa	1620
tgactttaac cttgtggcaa tgaagtacaa ctatgaacct ttgacacaag atcatgttga	1680
catattggga cctctttctg ctcaaacagg aattgccgtc ttagatatgt gtgctgcttt	1740
gaaagagctg ctgcagaatg gtatgaatgg tcgtactatc cttggtagca ctattttaga	1800
agatgagttt acaccatttg atgttgtagg acaatgctct ggtgttacct tccaaggtaa	1860
gttcaagaaa attgttaagg gcactcatca ttggatgctt ttaactttct tgacatcact	1920
attgattctt gttcaaagta cacagtgggc actgtttttc tttgtttacg agaatgcttt	1980
cttgccattt actcttggtg ttatggcaat tgctgcatgt	2020

<210> 49

<211> 2040

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 49	
agcatttcca gcctgaagac gtactgtagc agctaaactg cccagcacca tacctctatt	60
taggttgttt aagcctttga tgaagtacaa gtatttcact ttaggccctt ttggtgtgtc	120
tgtaacaaac ctacaaggtg gttccagttc tgtgtaaatt gtacctgtac catcactctt	180
agggaaatcta gcccatTTga gatcttggtg gtctgatagt aatgccagca caaacctacc	240
tcccttcgaa ttgttatagt aggcaagtgc attgtcatca gtacaagctg tttgtgtggt	300
accagccgca caggacatct gtcgtagtgc tactggactc agttcattat tctgtagttt	360
aacagctgag ttggctctta gagctgtaac aataagaggc caagccaaat ttggtgaatt	420
gtccatgtta atttcactaa gttgaacaat cttgctatcc gcatcaacaa cttgctggat	480
ttcccagagt gcagatgcat atgtaaaggt gttaccatca caagtgttct tgtaggtacc	540
ataatcaggg acaacaacca tgagtttggc tgctgtagtc aatgggtatga tgttgagtgg	600
aacacaacca tcacgcgcat tgttgataat gttgttaagt gcatcattat caagcttcct	660
aagcatagtg aagagcattg tttgcatagc actagttact tttgccctct tgcctcaga	720
tcttgctgtt ttgtacattt ggggtcatagc ctgatctgcc atcttttcca acttgcggtg	780
catggcagca tcacgggtcaa actcagattt agccacattc aaagatttct ttaacttttt	840
gagaacgact tcagaatcac cattagctac agcctgctca taggcctcct gggcagtggc	900
ataagcggca tatgatggta aagaactaaa ttctgaagca atagcctgaa gagtagcacg	960
gttatcgagc atttctctgc acaacctatt aatgtctaca gcaccctgca tggatagcaa	1020
aacagacaaa agagaaacca tcttctcgaa agcttcagtt gtgtcttttg caagaagaat	1080
atcattgtgg agttgtacac attgtgcccc caatttagaa gatgactcta ctctaagttg	1140

S226CAS108.ST25

ttgaagaacc gagagcagta ccacagatgt gcactttacg tcagacattt tagactgtac	1200
agtagcaacc ttgatacatg gtttacctcc aatacccaac aacttaatgt taagcttgaa	1260
agcatcaata ctactcttag gaggcaaaag cccctgggag ttcataatacc taaattcttg	1320
tgtagagacc aagtagtcat aaacaccaag agtaagcctg aagtaacggt tgagtaaaca	1380
gaaaaggcca aagtagcagc agcaacaata gcctaagaaa caataaaca gcatgatata	1440
ctgtaagggtg ttgccagtaa taaataacaa tgggtaatac tcaacacaca caaacactat	1500
agctctagct aaaaacatga tagtcgtaac gacaccagaa tagttagagg ttacagaaat	1560
aactaaggcc cacatggaaa tagcttgatc taaagcatta ccatagtaga ctttgtaaac	1620
aagtgtaatg acattcatca gtgtccaaac acgtctagca gcatcatcat aaacagtgcg	1680
agctgtcatg agaataagca aaactaaagc tgaagcatac ataacacaat ccttaagcct	1740
ataaccagac aagctagtgt cagccaattc aagccatgtc atgatacgca tcaccagct	1800
agcaggcatg tagaccatat taaagtaagc aactgttgca agagaaggta acagaaacaa	1860
gcacaagaat gcgtgcttat gcttaacaag cagcatagca catgcagcaa ttgccataat	1920
accaagagta aatggcaaga aagcattctc gtaaacaag aaaaacagt accactgtgt	1980
actttgaaca agaatacaata gtgatgtcaa gaaagttaaa agcatccaat gatgagtgc	2040

<210> 50

<211> 2012

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 50	
cttgtaggtt tgttacagac acacccaaaag ggcctaaagt gaaatacttg tacttcatca	60
aaggcttaaa caacctaaat agagggtatgg tgctgggagc tttagctgct acagtacgct	120
ttcagggtgg aaatgctaca gaagtacctg ccaattcaac tgtgctttcc ttctgtgctt	180
ttgcagtaga ccctgctaaa gcatataagg attacctagc aagtggagga caaccaatca	240
ccaactgtgt gaagatgttg tgtacacaca ctggtacagg acaggcaatt actgtaacac	300
cagaagctaa catggaccaa gagtcctttg gtggtgcttc atgttgctctg tattgtagat	360
gccacattga ccacccaaat cctaaaggat tctgtgactt gaaaggtaag tacgtccaaa	420
tacctaccac ttgtgctaata gaccagtggt gttttacact tagaaacaca gtctgtaccg	480
tctgcggaat gtggaaagggt tatggctgta gttgtgacca actccgcgaa cccttgatgc	540
agtctgcgga tgcataacg tttttaaacg ggtttgcggt gtaagtgcag cccgtcttac	600
accgtgcggc acaggcacta gtactgatgt cgtctacagg gcttttgata ttacaacga	660
aaaagttgct gggtttgcaa agttcctaaa aactaattgc tgtcgcttcc aggagaagga	720
tgaggaaggc aatttattag actcttactt tgtagttaag aggcatacta tgtctaacta	780

S226CAS108.ST25

```

ccaacatgaa gagactatTTT ataacttggt taaagattgt ccagcggttg ctgtccatga      840
ctttttcaag tttagagtag atggtgacat ggtaccacat atatcacgtc agcgtctaac      900
taaatacaca atggctgatt tagtctatgc tctacgtcat tttgatgagg gtaattgtga      960
tacattaaaa gaaataactcg tcacatacaa ttgctgtgat gatgattatt tcaataagaa    1020
ggattggtat gacttcgtag agaatcctga catcttacgc gtatatgcta acttaggtga    1080
gcgtgtacgc caatcattat taaagactgt acaattctgc gatgctatgc gtgatgcagg    1140
cattgtaggc gtactgacat tagataatca ggatcttaat gggaactggg acgatttcgg    1200
tgatttcgta caagtagcac caggctgcgg agttcctatt gtggattcat attactcatt    1260
gctgatgccc atcctcactt tgactagggc attggctgct gagtcccata tggatgctga    1320
tctcgcaaaa ccacttatta agtgggattt gctgaaatat gattttacgg aagagagact    1380
ttgtctcttc gaccgttatt ttaaattatt ggaccagaca taccatccca attgtattaa    1440
ctgtttggat gatagggtga tccttcattg tgcaaaacttt aatgtgttat tttctactgt    1500
gtttccacct acaagttttg gaccactagt aagaaaaata tttgtagatg gtgttccttt    1560
tgttgtttca actggatacc attttcgtga gttaggagtc gtacataatc aggatgtaaa    1620
cttacatagc tcgcgtctca gtttcaagga acttttagtg tatgctgctg atccagctat    1680
gcatgcagct tctggcaatt tattgctaga taaacgcact acatgctttt cagtagctgc    1740
actaacaac aatgttgctt ttcaaactgt caaacccggg aattttaata aagactttta    1800
tgactttgct gtgtctaaag gtttctttaa ggaaggaagt tctgttgaac taaaacactt    1860
cttctttgct caggatggca acgctgctat cagtgattat gactattatc gttataatct    1920
gccaacaatg tgtgatatca gacaactcct attcgtagtt gaagttgttg ataaatactt    1980
tgattgttac gatggtggct gtattaatgc ca                                     2012

```

<210> 51

<211> 1877

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 51

```

gtacttcgcg tacagtggca ataccatatg acagcttaaa tgtttctca gtggctttga      60
gcgtttctgc tgcgaaaagc ttgagtctct cagtacaagt gttggcaagt atgtaatcgc    120
cagcattagt ccaatcacat gttgctatcg cattgaagtc agtgacattg tactgccta    180
cacatgtgtt tttgtataaa ccaaaaacct gaccattagc acataatgga aaactaatgg    240
gaggcttatg tgacttgcaa taatagctca tacctcctag atacagttgt gtcacatcag    300
tgacatcaca acctggggca ttgcaaacat agggattaac agacaacact aatttgtgtg    360
atgttgaaat gacatggtca tagcagcact tgcaacatag gaatggtctc ctaatacagg    420

```

S226CAS108.ST25

caccgcaacg aagtgaagtc tgtgaattgc acaatacaca agcacctaca gcctgcaaga 480
 ctgtatgtgg tgtgtacata gcctcataaa actcagggtc ccagtaccgt gaggtgttat 540
 cattagttag cattacggaa tacatgtcca acatgtggcc agtaagctca tcatgtaact 600
 ttctaatagta ttgtaaatac aagtgaaga catcagcata ctcttgatta ggatgttttg 660
 taagtgggta agcatcaata gccagtgaac cgaacctttc aatcataagt gtaccatctg 720
 ttttgacaat atcatcgaca aaacagcctg cgcctaatat tcttgatgga tctgggtaag 780
 gcagggtacac gtaatcatct ccttgtttaa ctagcattgt atgctgtgag caaaattcgt 840
 gaggtccttt agtaagggtca gtctcagtc aacattttgc ctacagacatg aacacattat 900
 tttgataata aagaactgcc ttaaagttct taatgctagc tactaaacct tgagccgcat 960
 agttactgtt atagcacaca acggcatcat cagaaagaat catcatggag aaatgtttac 1020
 gcaggtaagc gtaaaactca tccacgaatt catgatcaac atccctatct ctatagagac 1080
 actcatagag cctgtgttgt agattgcgga cactctgtgc agctatctta ttaccatcag 1140
 ttgaaagaag tgcatttaca ttggctgtaa cagcttgaca aatgttaaag aactattag 1200
 cataagcagt ttagcatca ccggatgatg ttccacctgg tttaacatat agtgagccgc 1260
 cacacatgac catctcactt aatacttgcg cacactcggt agctaacctg tagaaacggt 1320
 gtgataagtt acagcaagtg ttatgtttgc gagcaagaac aagagaggcc attatcctaa 1380
 gcatgttagg catggctctg tcacattttg gataatccca acccataagg tgtggagttt 1440
 ctacatcact gtaaacagtt tttaacatat tatgccagcc accgtaaaac ttgcttggtc 1500
 caattaccac agtagctcct ctagtggcgg ctattgactt caataatttc tgatgaaact 1560
 gtctattttgt catagtacta cagatagaga caccagctac ggtgcgagct ctattctttg 1620
 cactaatggc atacttaaga ttcatgtgag ttatagtagg gatgacatta cgcttagtat 1680
 acgcgaaaag tgcattctga tcctcataac tcattgagtc ataataaagt ctagccttac 1740
 cccatttatt aaatgggaaa ccagctgatt tatccagatt gttaacgatt acttggttgg 1800
 cattaatata gccaccatcg taacaatcaa agtatttatc aacaacttca actacgaata 1860
 ggagttgtct gatatca 1877

<210> 52

<211> 2051

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 52

tcagggtccaa tcttgacaaa gtacttcatt gatgtaagct caaagccatg cgcccaaagg 60
 acgaacacga ctctgtctga caatcctttc agtgtatcac tgagcatttg tactatctta 120
 atacgcacta cattccaggg caagccttta tacatgagtg gtataagatg tttaaactgg 180

S226CAS108.ST25

tcacctggtg	gaggttttgc	attaactctg	gtgaattctg	tgttattttc	agtgtcaaca	240
taaccagtcg	gtacagctac	taagttaaca	cctgtagaaa	atcctagctg	gagaggtagg	300
ttagtaccga	cagcatctct	agttgcatga	cagccctcta	catcaaagcc	aatccacgca	360
cgaacgtgac	gaatagcttc	ttcgcgggtg	ataaacatat	tagggtaacc	attgacttgg	420
taattcattt	tgaaacccat	catagagatg	agtctacggt	aggatcatgtc	ctttggtatg	480
cctgggtatgt	caacacataa	tccttcagtc	ttgaacttta	tatcaacgct	gagggtgtga	540
ggtgcctgtg	taggatgaag	accagtaatg	atcttactac	agtccttaaa	aagtccagtt	600
acattttctg	cttgtaatgt	agccacattg	cgacgtggta	tttctagact	tgtaaattgc	660
agtttgtcat	aaagatctct	atcagacatt	atgcacaaaa	tgccaatttt	tgcccttgtg	720
atagccacat	tgaagcgggt	gacattacaa	gagtgtgctg	tttcagtagt	ttgtgtgaat	780
atgacatagt	catattcaga	accctgtgat	gaatcaacag	tctgcgtagg	caatcctaag	840
atttttgaag	ctacagcgtt	ctgtgaatta	taaggtgaga	taaaaacagc	ttttctccaa	900
gcaggattgc	gtgtaagaaa	ttctcttaca	acgcctattt	gaggctgtgt	gattgcagat	960
gaaacatcat	gtgtaataac	acctttgtag	aacattttga	agcattgagc	tgacttatcc	1020
ttgtgtgctt	ttagcttatt	gtcataaact	aaagcactca	cagtgtcaac	aatttcagca	1080
ggacaacggc	gacaagttcc	aaggaacatg	tctggaccta	ttgttttcat	aagtctgcac	1140
actgaattaa	aatattctgg	ttctagtgtg	cctttagtca	gcaatgtgcg	gggggctggt	1200
aattgagcag	gatcgccaat	atagacgtag	tgttttgcac	gaagtctagc	attgacaaca	1260
ctcaagtcac	aattagtagc	catagagatt	tcatcaaaga	ctacaatgtc	agcagttggt	1320
tctggcaatg	cattttacagt	gcagaaaaca	tactgttcta	gtgttgaatt	cactttgaat	1380
ttatcaaaac	actctacgcg	cgcacgcgca	ggtatgattc	tactacattt	atctatgggc	1440
aaatatttta	atgccttttc	acatagggca	tcaacagctg	catgagagca	tgccgtatac	1500
actatgagcag	cagatgggta	atagagagca	agtccgatgg	caaaatgact	cttaccagta	1560
ccagggtggc	cttgagtggt	agagtacttt	tgcatgccga	ccttttgata	atttgcaaca	1620
ttgctagaaa	actcatctga	gatgttgagt	gttgggtaca	agccagtaat	tctcacatag	1680
tgctcttgtg	gcactagagt	aggtgcacta	agtggcatta	cagtgtgaga	tgtcaacaca	1740
aagtaatcac	caacattcaa	cttgtatgtc	gtagtacctc	tgtacacaac	agcatcacca	1800
tagtcacctt	tttcaaaggt	gtactctcca	atctgtactt	tactattttt	agttacacgg	1860
taaccagtaa	agacatagtt	tctgttcaat	ggtgggtctag	gttttccaac	ctccatgaa	1920
agatgcaatt	ctctgtcaga	gagtacttcg	cgtacagtgg	caataccata	tgacagctta	1980
aatgtttcct	cagtggcttt	gagcgtttct	gctgcgaaaa	gcttgagtct	ctcagtacaa	2040
gtgttggtgca	g					2051

S226CAS108.ST25

<211> 2075

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

```

<400> 53
tgcttgtagt tttgggtaga aggtttcaac atgtccatcc ttacaccaaa gcatgaatga      60
aatttcagca tagtcaattg taaccttgac cacttttgaa atcactgaca aatcttgatga      120
ctttattatc tcgacaaagt catcaagtaa aagatcaatc acagaacaca cacattttga      180
tgaacctgtt tgcgcatctg ttatgaagta atttttctact gtgctgtcca tagggataaa      240
atccttctaat ttaagtgggtg aatcttgatga gcgcttggtt aagcctatca ttaaatgaag      300
accgccaagt tgtccatgac tgaaatctcc ataaacgatg tgttcgaagg catagccctc      360
gagcttatat cgctgtatga attcatccat agcgagctcg agaaagtcag tttccatttg      420
tgatctggggc ttaaaatcct ctaagtctct gctctgagta aagtaggttt caggcaactg      480
ttgaataatg ccgtctactt tcttaaagta gttaaactgt gtttttactg attctccaat      540
taatgtgact ccattgacgc tagcttgtgc tgggtcccttt gaagggtgta gacctttgac      600
tgaaccttct gttattaaaa caccattacg ggcgtttcta aaaagggtcta cctgtccttc      660
cactctacca tcaaacaaga cagtaagtga agaacaagca ctctcagtag gtttcttggtc      720
aatgtcagtc attgtgcaga cacctattgt agatacatgt gctggggcctt ctcttttgta      780
gtcccagatt acagtattag cagcgatatc aacacccaaa ttattgagta tcttaatctc      840
tggcactggt ttaatgttac gcttagccca aagctcaaat gcaacattaa caggaagtgt      900
tgtcttattt tcaaagatct ccacatcaat accatctacc tttgtgtaaa cagcattatt      960
aatgatggaa acaggtgctt cgccggcggtg tccatcaaag tgtcctttat taacaacatt     1020
ataagccaca ttttctaaac tctgtaacct ggtaaagtga ttccacaggt tataagtatc     1080
aaattgtttg taaatccata ggctaaatcc agcagaaatc atcatattat atgcatccaa     1140
gtactgtcgg tactcatttg catggtgtct gcaaacagca ccacctaaat tgcacgtgt      1200
aatacacgta gcagatttga gtggaacata atcaatatcc gacactactt gtttgccatg      1260
agactcaca gactatcag aatagtaaaa gaaaggcaat tgctttaaat tagtaaattgc      1320
acttttatcg aaagctggag tgtggaatgc atgcttattc acatacaaac taccaccatc      1380
acagcctggt aagtccaagt ttgacaagac tcttgtgtca aacctacaca caattgcatt      1440
ggctgggtaa cgatcaacgt tacaattcca aaacaaacaa acaccatcag tgaatttatc      1500
gtgatgtgta gcataagaat agaagagttc ctctattttg taagctttgt cactacatgg      1560
ctgagcatcg tagaacttcc attctacttc agcctgaggg acacacttga tagcctttgg      1620
atttccaatg tcatgaagaa ctggaaactt atcagcaagc aatgcagact tcacaacat      1680
gtgttgatct tttctgcaag cagaattaac cctcagttca tctctataa tagggatttc      1740
aacagaccaa tcaacgcgct taacaaagca ctcatggact gctaaacatc tagtcatgat      1800

```

S226CAS108.ST25

agcatcacaa	ctagccacat	gtgcatttcc	atgtacctgg	caatgttggt	catgggttact	1860
ctgaagggtta	cccgtaaagc	cccactgctg	aacatcaatc	ataaatgggt	tatagacata	1920
gtcaaaaccc	acagaatgat	tccagcaggc	ataagtatct	gatgaagtag	aaaagcaagt	1980
tgcacgtttg	tcacacagac	aacacgttct	ttcaggtcca	atcttgacaa	agtacttcat	2040
tgatgtaagc	tcaaagccat	gcgccc aaag	gacga			2075

<210> 54

<211> 1891

<212> DNA

<213> CORONAVIRUS

<400> 54

aagattcacc	acttaaatta	gaggatttta	tccttatgga	cagcacagtg	aaaaattact	60
tcataacaga	tgcgcaaaca	ggttcacaa	aatgtgtgtg	ttctgtgatt	gatcttttac	120
ttgatgactt	tgtcgagata	ataaagtcac	aagatttgtc	agtgatttca	aaagtgggtca	180
aggttacaat	tgactatgct	gaaatttcat	tcattgctttg	gtgtaaggat	ggacatgttg	240
aaaccttcta	cccaaaacta	caagcaagtc	aagcgtggca	accaggtgtt	gcgatgccta	300
acttgtacaa	gatgcaaaga	atgcttcttg	aaaagtgtga	ccttcagaat	tatgggtgaaa	360
atgctgttat	accaaagga	ataatgatga	atgtcgcaaa	gtataactcaa	ctgtgtcaat	420
acttaaatac	acttacttta	gctgtaccct	acaacatgag	agttattcac	tttgggtgctg	480
gctctgataa	aggagtgtga	ccaggtacag	ctgtgctcag	acaatgggtg	ccaactggca	540
cactacttgt	cgattcagat	cttaatgact	tcgtctccga	cgcagattct	actttaattg	600
gagactgtgc	aacagtacat	acggctaata	aatgggacct	tattattagc	gatatgtatg	660
accctaggac	caaacatgtg	acaaaagaga	atgactctaa	agaagggttt	ttcacttatc	720
tgtgtggatt	tataaagcaa	aaactagccc	tgggtgggtc	tatagctgta	aagataacag	780
agcattcttg	gaatgctgac	ctttacaagc	ttatgggccca	tttctcatgg	tggacagctt	840
ttgtttacaa	tgtaaatgca	tcattcatcg	aagcattttt	aattggggct	aactatcttg	900
gcaagccgaa	ggaacaaatt	gatggctata	ccatgcatgc	taactacatt	ttctggagga	960
acacaaatcc	tatccagttg	tcttcctatt	cactctttga	catgagcaaa	tttcctctta	1020
aattaagagg	aactgctgta	atgtctctta	aggagaatca	aatcaatgat	atgattttatt	1080
ctcttctgga	aaaaggtagg	cttatcatta	gagaaaacaa	cagagtgtgtg	gtttcaagtg	1140
atattcttgt	taacaactaa	acgaacatgt	ttattttctt	attattttctt	actctcacta	1200
gtggtagtga	ccttgaccgg	tgcaccactt	ttgatgatgt	tcaagctcct	aattacactc	1260
aacatacttc	atctatgagg	ggggtttact	atcctgatga	aattttttaga	tcagacactc	1320
tttatttaac	tcaggattta	tttcttccat	tttattctaa	tgttacaggg	tttcatacta	1380

S226CAS108.ST25

ttaatcatatc gtttggcaac cctgtcatatc cttttaagga tggatattat ttgctgcca 1440
 cagagaaatc aaatgttgtc cgtggttggg tttttggtc taccatgaac aacaagtcac 1500
 agtcggtgat tattattaac aattctacta atgttggtat acgagcatgt aactttgaat 1560
 tgtgtgacaa ccctttcttt gctgtttcta aacccatggg tacacagaca catactatga 1620
 tattcgataa tgcatttaac tgcactttcg agtacatata tgatgccttt tcgcttgatg 1680
 tttcagaaaa gtcaggtaat tttaaactac tacgagagtt tgtgtttaaa aataaagatg 1740
 ggtttctcta tgtttataag ggctatcaac ctatagatgt agttcgtgat ctaccttctg 1800
 gttttaacac ttgaaacct atttttaagt tgcctcttgg tattaacatt acaaatttta 1860
 gagccattct tacagccttt tcacctgctc a 1891

<210> 55

<211> 32

<212> DNA

<213> ARTIFICIAL SEQUENCE

<220>

<223> amorce N sens

<400> 55

cccatatgtc tgataatgga ccccaatcaa ac

32

<210> 56

<211> 32

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<223> amorce N antisens

<400> 56

cccccggtg cctgagttga atcagcagaa gc

32

<210> 57

<211> 31

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>



S226CAS108.ST25

<223> amorce Sc sens

 <400> 57
 cccatatgag tgaccttgac cgggtgcacca c

31

<210> 58

<211> 30

<212> DNA

<213> artificial sequence

<220>

<223> amorce SL sens

 <400> 58
 cccatatgaa accttgcacc ccacctgctc

30

<210> 59

<211> 33

<212> DNA

<213> amorce Sc et SL antisens

 <400> 59
 cccccgggtt taatatattg ctcatatattt ccc

33

<210> 60

<211> 16

<212> DNA

<213> amorce sens série 1

 <400> 60
 ggcacgcgtat gggttg

16

<210> 61

<211> 16

<212> DNA

<213> amorce antisens série 2 (28774-28759)

 <400> 61
 cagtttcacc acctcc

16

<210> 62

S226CAS108.ST25

<211> 16

<212> DNA

<213> amorce sens série 2 (28375-28390)

<400> 62
ggctactacc gaagag

16

<210> 63

<211> 16

<212> DNA

<213> amorce antisens série 2 (28702-28687)

<400> 63
aattaccgcg actacg

16

<210> 64

<211> 26

<212> DNA

<213> sonde 1/série 1 (28561-28586)

<400> 64
ggcaccgcga atcctaataa caatgc

26

<210> 65

<211> 21

<212> DNA

<213> sonde 2/série 1 (28588-28608)

<400> 65
gccaccgtgc tacaacttcc t

21

<210> 66

<211> 23

<212> DNA

<213> sonde 1/série 2 /sonde N/FL (28541-28563)

<400> 66
atacacccaa agaccacatt ggc

23



S226CAS108.ST25

<210> 67
 <211> 25
 <212> DNA
 <213> sonde 2/série 2/sonde SARS/N/LC705 (28565-28589)

<400> 67
 cccgcaatcc taataacaat gctgc 25

<210> 68
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> artificial sequence

<220>
 <223> amorce ancre 14T
 <400> 68
 agatgaattc ggtacctttt tttttttttt 30

<210> 69
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> artificial sequence

<220>
 <223> peptide M2-14
 <400> 69
 Ala Asp Asn Gly Thr Ile Thr Val Glu Glu Leu Lys Gln
 1 5 10

<210> 70
 <211> 12
 <212> PRT
 <213> artificial sequence

<220>
 <223> peptide E1-12
 <400> 70

S226CAS108.ST25

Met Tyr Ser Phe Val Ser Glu Glu Thr Gly Thr Leu
 1 5 10

<210> 71
 <211> 24
 <212> PRT
 <213> artificial sequence

<220>

<223> peptide E53-72

<400> 71

Lys Pro Thr Val Tyr Val Tyr Ser Arg Val Lys Asn Leu Asn Ser Ser
 1 5 10 15

Glu Gly Val Pro Asp Leu Leu Val
 20

<210> 72
 <211> 153
 <212> DNA
 <213> CORONAVIRUS

<400> 72	
gatattaggt ttttacctac ccaggaaaag ccaaccaacc tcgatctctt gtagatctgt	60
tctctaaacg aacttttaaaa tctgtgtagc tgctgctcgg ctgcatgcct agtgcaccta	120
cgcagtataa acaataataa attttactgt cgt	153

<210> 73
 <211> 410
 <212> DNA
 <213> CORONAVIRUS

<400> 73	
ttctccagac aacttcaaaa ttccatgagt ggagcttctg ctgattcaac tcaggcataa	60
acactcatga tgaccacaca aggcagatgg gctatgtaaa cgttttcgca attccgttta	120
cgatacatag tctactcttg tgcagaatga attctcgtaa ctaaacagca caagtagggt	180
tagttaactt taatctcaca tagcaatctt taatcaatgt gtaacattag ggaggacttg	240
aaagagccac cacattttca tcgaggccac gcggagtagc atcgagggta cagtgaataa	300
tgctagggag agctgcctat atggaagagc cctaattgtgt aaaattaatt ttagtagtgc	360



S226CAS108.ST25

410

tatcccccattg tgattttaaat agcttcttag gagaatgaca aaaaaaaaaa

<210> 74

<211> 4382

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 74

Met Glu Ser Leu Val Leu Gly Val Asn Glu Lys Thr His Val Gln Leu
1 5 10 15

Ser Leu Pro Val Leu Gln Val Arg Asp Val Leu Val Arg Gly Phe Gly
20 25 30

Asp Ser Val Glu Glu Ala Leu Ser Glu Ala Arg Glu His Leu Lys Asn
35 40 45

Gly Thr Cys Gly Leu Val Glu Leu Glu Lys Gly Val Leu Pro Gln Leu
50 55 60

Glu Gln Pro Tyr Val Phe Ile Lys Arg Ser Asp Ala Leu Ser Thr Asn
65 70 75 80

His Gly His Lys Val Val Glu Leu Val Ala Glu Met Asp Gly Ile Gln
85 90 95

Tyr Gly Arg Ser Gly Ile Thr Leu Gly Val Leu Val Pro His Val Gly
100 105 110

Glu Thr Pro Ile Ala Tyr Arg Asn Val Leu Leu Arg Lys Asn Gly Asn
115 120 125

Lys Gly Ala Gly Gly His Ser Tyr Gly Ile Asp Leu Lys Ser Tyr Asp
130 135 140

Leu Gly Asp Glu Leu Gly Thr Asp Pro Ile Glu Asp Tyr Glu Gln Asn
145 150 155 160

Trp Asn Thr Lys His Gly Ser Gly Ala Leu Arg Glu Leu Thr Arg Glu
165 170 175

Leu Asn Gly Gly Ala Val Thr Arg Tyr Val Asp Asn Asn Phe Cys Gly
180 185 190

Pro Asp Gly Tyr Pro Leu Asp Cys Ile Lys Asp Phe Leu Ala Arg Ala
195 200 205

S226CAS108.ST25

Gly Lys Ser Met Cys Thr Leu Ser Glu Gln Leu Asp Tyr Ile Glu Ser
210 215 220

Lys Arg Gly Val Tyr Cys Cys Arg Asp His Glu His Glu Ile Ala Trp
225 230 235 240

Phe Thr Glu Arg Ser Asp Lys Ser Tyr Glu His Gln Thr Pro Phe Glu
245 250 255

Ile Lys Ser Ala Lys Lys Phe Asp Thr Phe Lys Gly Glu Cys Pro Lys
260 265 270

Phe Val Phe Pro Leu Asn Ser Lys Val Lys Val Ile Gln Pro Arg Val
275 280 285

Glu Lys Lys Lys Thr Glu Gly Phe Met Gly Arg Ile Arg Ser Val Tyr
290 295 300

Pro Val Ala Ser Pro Gln Glu Cys Asn Asn Met His Leu Ser Thr Leu
305 310 315 320

Met Lys Cys Asn His Cys Asp Glu Val Ser Trp Gln Thr Cys Asp Phe
325 330 335

Leu Lys Ala Thr Cys Glu His Cys Gly Thr Glu Asn Leu Val Ile Glu
340 345 350

Gly Pro Thr Thr Cys Gly Tyr Leu Pro Thr Asn Ala Val Val Lys Met
355 360 365

Pro Cys Pro Ala Cys Gln Asp Pro Glu Ile Gly Pro Glu His Ser Val
370 375 380

Ala Asp Tyr His Asn His Ser Asn Ile Glu Thr Arg Leu Arg Lys Gly
385 390 395 400

Gly Arg Thr Arg Cys Phe Gly Gly Cys Val Phe Ala Tyr Val Gly Cys
405 410 415

Tyr Asn Lys Arg Ala Tyr Trp Val Pro Arg Ala Ser Ala Asp Ile Gly
420 425 430

Ser Gly His Thr Gly Ile Thr Gly Asp Asn Val Glu Thr Leu Asn Glu
435 440 445

Asp Leu Leu Glu Ile Leu Ser Arg Glu Arg Val Asn Ile Asn Ile Val
450 455 460

Gly Asp Phe His Leu Asn Glu Glu Val Ala Ile Ile Leu Ala Ser Phe
465 470 475 480

S226CAS108.ST25

Ser Ala Ser Thr Ser Ala Phe Ile Asp Thr Ile Lys Ser Leu Asp Tyr
 485 490 495

Lys Ser Phe Lys Thr Ile Val Glu Ser Cys Gly Asn Tyr Lys Val Thr
 500 505 510

Lys Gly Lys Pro Val Lys Gly Ala Trp Asn Ile Gly Gln Gln Arg Ser
 515 520 525

Val Leu Thr Pro Leu Cys Gly Phe Pro Ser Gln Ala Ala Gly Val Ile
 530 535 540

Arg Ser Ile Phe Ala Arg Thr Leu Asp Ala Ala Asn His Ser Ile Pro
 545 550 555 560

Asp Leu Gln Arg Ala Ala Val Thr Ile Leu Asp Gly Ile Ser Glu Gln
 565 570 575

Ser Leu Arg Leu Val Asp Ala Met Val Tyr Thr Ser Asp Leu Leu Thr
 580 585 590

Asn Ser Val Ile Ile Met Ala Tyr Val Thr Gly Gly Leu Val Gln Gln
 595 600 605

Thr Ser Gln Trp Leu Ser Asn Leu Leu Gly Thr Thr Val Glu Lys Leu
 610 615 620

Arg Pro Ile Phe Glu Trp Ile Glu Ala Lys Leu Ser Ala Gly Val Glu
 625 630 635 640

Phe Leu Lys Asp Ala Trp Glu Ile Leu Lys Phe Leu Ile Thr Gly Val
 645 650 655

Phe Asp Ile Val Lys Gly Gln Ile Gln Val Ala Ser Asp Asn Ile Lys
 660 665 670

Asp Cys Val Lys Cys Phe Ile Asp Val Val Asn Lys Ala Leu Glu Met
 675 680 685

Cys Ile Asp Gln Val Thr Ile Ala Gly Ala Lys Leu Arg Ser Leu Asn
 690 695 700

Leu Gly Glu Val Phe Ile Ala Gln Ser Lys Gly Leu Tyr Arg Gln Cys
 705 710 715 720

Ile Arg Gly Lys Glu Gln Leu Gln Leu Leu Met Pro Leu Lys Ala Pro
 725 730 735

Lys Glu Val Thr Phe Leu Glu Gly Asp Ser His Asp Thr Val Leu Thr
 740 745 750

S226CAS108.ST25
 Ser Glu Glu Val Val Leu Lys Asn Gly Glu Leu Glu Ala Leu Glu Thr
 755 760 765
 Pro Val Asp Ser Phe Thr Asn Gly Ala Ile Val Gly Thr Pro Val Cys
 770 775 780
 Val Asn Gly Leu Met Leu Leu Glu Ile Lys Asp Lys Glu Gln Tyr Cys
 785 790 795 800
 Ala Leu Ser Pro Gly Leu Leu Ala Thr Asn Asn Val Phe Arg Leu Lys
 805 810 815
 Gly Gly Ala Pro Ile Lys Gly Val Thr Phe Gly Glu Asp Thr Val Trp
 820 825 830
 Glu Val Gln Gly Tyr Lys Asn Val Arg Ile Thr Phe Glu Leu Asp Glu
 835 840 845
 Arg Val Asp Lys Val Leu Asn Glu Lys Cys Ser Val Tyr Thr Val Glu
 850 855 860
 Ser Gly Thr Glu Val Thr Glu Phe Ala Cys Val Val Ala Glu Ala Val
 865 870 875 880
 Val Lys Thr Leu Gln Pro Val Ser Asp Leu Leu Thr Asn Met Gly Ile
 885 890 895
 Asp Leu Asp Glu Trp Ser Val Ala Thr Phe Tyr Leu Phe Asp Asp Ala
 900 905 910
 Gly Glu Glu Asn Phe Ser Ser Arg Met Tyr Cys Ser Phe Tyr Pro Pro
 915 920 925
 Asp Glu Glu Glu Glu Asp Asp Ala Glu Cys Glu Glu Glu Glu Ile Asp
 930 935 940
 Glu Thr Cys Glu His Glu Tyr Gly Thr Glu Asp Asp Tyr Gln Gly Leu
 945 950 955 960
 Pro Leu Glu Phe Gly Ala Ser Ala Glu Thr Val Arg Val Glu Glu Glu
 965 970 975
 Glu Glu Glu Asp Trp Leu Asp Asp Thr Thr Glu Gln Ser Glu Ile Glu
 980 985 990
 Pro Glu Pro Glu Pro Thr Pro Glu Glu Pro Val Asn Gln Phe Thr Gly
 995 1000 1005
 Tyr Leu Lys Leu Thr Asp Asn Val Ala Ile Lys Cys Val Asp Ile
 1010 1015 1020

S226CAS108.ST25

Val Lys Glu Ala Gln Ser Ala Asn Pro Met Val Ile Val Asn Ala
1025 1030 1035

Ala Asn Ile His Leu Lys His Gly Gly Gly Val Ala Gly Ala Leu
1040 1045 1050

Asn Lys Ala Thr Asn Gly Ala Met Gln Lys Glu Ser Asp Asp Tyr
1055 1060 1065

Ile Lys Leu Asn Gly Pro Leu Thr Val Gly Gly Ser Cys Leu Leu
1070 1075 1080

Ser Gly His Asn Leu Ala Lys Lys Cys Leu His Val Val Gly Pro
1085 1090 1095

Asn Leu Asn Ala Gly Glu Asp Ile Gln Leu Leu Lys Ala Ala Tyr
1100 1105 1110

Glu Asn Phe Asn Ser Gln Asp Ile Leu Leu Ala Pro Leu Leu Ser
1115 1120 1125

Ala Gly Ile Phe Gly Ala Lys Pro Leu Gln Ser Leu Gln Val Cys
1130 1135 1140

Val Gln Thr Val Arg Thr Gln Val Tyr Ile Ala Val Asn Asp Lys
1145 1150 1155

Ala Leu Tyr Glu Gln Val Val Met Asp Tyr Leu Asp Asn Leu Lys
1160 1165 1170

Pro Arg Val Glu Ala Pro Lys Gln Glu Glu Pro Pro Asn Thr Glu
1175 1180 1185

Asp Ser Lys Thr Glu Glu Lys Ser Val Val Gln Lys Pro Val Asp
1190 1195 1200

Val Lys Pro Lys Ile Lys Ala Cys Ile Asp Glu Val Thr Thr Thr
1205 1210 1215

Leu Glu Glu Thr Lys Phe Leu Thr Asn Lys Leu Leu Leu Phe Ala
1220 1225 1230

Asp Ile Asn Gly Lys Leu Tyr His Asp Ser Gln Asn Met Leu Arg
1235 1240 1245

Gly Glu Asp Met Ser Phe Leu Glu Lys Asp Ala Pro Tyr Met Val
1250 1255 1260

Gly Asp Val Ile Thr Ser Gly Asp Ile Thr Cys Val Val Ile Pro
1265 1270 1275

S226CAS108.ST25

Ser Lys Lys Ala Gly Gly Thr Thr Glu Met Leu Ser Arg Ala Leu
1280 1285 1290

Lys Lys Val Pro Val Asp Glu Tyr Ile Thr Thr Tyr Pro Gly Gln
1295 1300 1305

Gly Cys Ala Gly Tyr Thr Leu Glu Glu Ala Lys Thr Ala Leu Lys
1310 1315 1320

Lys Cys Lys Ser Ala Phe Tyr Val Leu Pro Ser Glu Ala Pro Asn
1325 1330 1335

Ala Lys Glu Glu Ile Leu Gly Thr Val Ser Trp Asn Leu Arg Glu
1340 1345 1350

Met Leu Ala His Ala Glu Glu Thr Arg Lys Leu Met Pro Ile Cys
1355 1360 1365

Met Asp Val Arg Ala Ile Met Ala Thr Ile Gln Arg Lys Tyr Lys
1370 1375 1380

Gly Ile Lys Ile Gln Glu Gly Ile Val Asp Tyr Gly Val Arg Phe
1385 1390 1395

Phe Phe Tyr Thr Ser Lys Glu Pro Val Ala Ser Ile Ile Thr Lys
1400 1405 1410

Leu Asn Ser Leu Asn Glu Pro Leu Val Thr Met Pro Ile Gly Tyr
1415 1420 1425

Val Thr His Gly Phe Asn Leu Glu Glu Ala Ala Arg Cys Met Arg
1430 1435 1440

Ser Leu Lys Ala Pro Ala Val Val Ser Val Ser Ser Pro Asp Ala
1445 1450 1455

Val Thr Thr Tyr Asn Gly Tyr Leu Thr Ser Ser Ser Lys Thr Ser
1460 1465 1470

Glu Glu His Phe Val Glu Thr Val Ser Leu Ala Gly Ser Tyr Arg
1475 1480 1485

Asp Trp Ser Tyr Ser Gly Gln Arg Thr Glu Leu Gly Val Glu Phe
1490 1495 1500

Leu Lys Arg Gly Asp Lys Ile Val Tyr His Thr Leu Glu Ser Pro
1505 1510 1515

Val Glu Phe His Leu Asp Gly Glu Val Leu Ser Leu Asp Lys Leu
1520 1525 1530

S226CAS108.ST25

Lys	Ser	Leu	Leu	Ser	Leu	Arg	Glu	Val	Lys	Thr	Ile	Lys	Val	Phe
1535						1540					1545			
Thr	Thr	Val	Asp	Asn	Thr	Asn	Leu	His	Thr	Gln	Leu	Val	Asp	Met
1550						1555					1560			
Ser	Met	Thr	Tyr	Gly	Gln	Gln	Phe	Gly	Pro	Thr	Tyr	Leu	Asp	Gly
1565						1570					1575			
Ala	Asp	Val	Thr	Lys	Ile	Lys	Pro	His	Val	Asn	His	Glu	Gly	Lys
1580						1585					1590			
Thr	Phe	Phe	Val	Leu	Pro	Ser	Asp	Asp	Thr	Leu	Arg	Ser	Glu	Ala
1595						1600					1605			
Phe	Glu	Tyr	Tyr	His	Thr	Leu	Asp	Glu	Ser	Phe	Leu	Gly	Arg	Tyr
1610						1615					1620			
Met	Ser	Ala	Leu	Asn	His	Thr	Lys	Lys	Trp	Lys	Phe	Pro	Gln	Val
1625						1630					1635			
Gly	Gly	Leu	Thr	Ser	Ile	Lys	Trp	Ala	Asp	Asn	Asn	Cys	Tyr	Leu
1640						1645					1650			
Ser	Ser	Val	Leu	Leu	Ala	Leu	Gln	Gln	Leu	Glu	Val	Lys	Phe	Asn
1655						1660					1665			
Ala	Pro	Ala	Leu	Gln	Glu	Ala	Tyr	Tyr	Arg	Ala	Arg	Ala	Gly	Asp
1670						1675					1680			
Ala	Ala	Asn	Phe	Cys	Ala	Leu	Ile	Leu	Ala	Tyr	Ser	Asn	Lys	Thr
1685						1690					1695			
Val	Gly	Glu	Leu	Gly	Asp	Val	Arg	Glu	Thr	Met	Thr	His	Leu	Leu
1700						1705					1710			
Gln	His	Ala	Asn	Leu	Glu	Ser	Ala	Lys	Arg	Val	Leu	Asn	Val	Val
1715						1720					1725			
Cys	Lys	His	Cys	Gly	Gln	Lys	Thr	Thr	Thr	Leu	Thr	Gly	Val	Glu
1730						1735					1740			
Ala	Val	Met	Tyr	Met	Gly	Thr	Leu	Ser	Tyr	Asp	Asn	Leu	Lys	Thr
1745						1750					1755			
Gly	Val	Ser	Ile	Pro	Cys	Val	Cys	Gly	Arg	Asp	Ala	Thr	Gln	Tyr
1760						1765					1770			
Leu	Val	Gln	Gln	Glu	Ser	Ser	Phe	Val	Met	Met	Ser	Ala	Pro	Pro
1775						1780					1785			

S226CAS108.ST25

Ala Glu Tyr Lys Leu Gln Gln Gly Thr Phe Leu Cys Ala Asn Glu
1790 1795 1800

Tyr Thr Gly Asn Tyr Gln Cys Gly His Tyr Thr His Ile Thr Ala
1805 1810 1815

Lys Glu Thr Leu Tyr Arg Ile Asp Gly Ala His Leu Thr Lys Met
1820 1825 1830

Ser Glu Tyr Lys Gly Pro Val Thr Asp Val Phe Tyr Lys Glu Thr
1835 1840 1845

Ser Tyr Thr Thr Thr Ile Lys Pro Val Ser Tyr Lys Leu Asp Gly
1850 1855 1860

Val Thr Tyr Thr Glu Ile Glu Pro Lys Leu Asp Gly Tyr Tyr Lys
1865 1870 1875

Lys Asp Asn Ala Tyr Tyr Thr Glu Gln Pro Ile Asp Leu Val Pro
1880 1885 1890

Thr Gln Pro Leu Pro Asn Ala Ser Phe Asp Asn Phe Lys Leu Thr
1895 1900 1905

Cys Ser Asn Thr Lys Phe Ala Asp Asp Leu Asn Gln Met Thr Gly
1910 1915 1920

Phe Thr Lys Pro Ala Ser Arg Glu Leu Ser Val Thr Phe Phe Pro
1925 1930 1935

Asp Leu Asn Gly Asp Val Val Ala Ile Asp Tyr Arg His Tyr Ser
1940 1945 1950

Ala Ser Phe Lys Lys Gly Ala Lys Leu Leu His Lys Pro Ile Val
1955 1960 1965

Trp His Ile Asn Gln Ala Thr Thr Lys Thr Thr Phe Lys Pro Asn
1970 1975 1980

Thr Trp Cys Leu Arg Cys Leu Trp Ser Thr Lys Pro Val Asp Thr
1985 1990 1995

Ser Asn Ser Phe Glu Val Leu Ala Val Glu Asp Thr Gln Gly Met
2000 2005 2010

Asp Asn Leu Ala Cys Glu Ser Gln Gln Pro Thr Ser Glu Glu Val
2015 2020 2025

Val Glu Asn Pro Thr Ile Gln Lys Glu Val Ile Glu Cys Asp Val
2030 2035 2040

S226CAS108.ST25

Lys Thr Thr Glu Val Val Gly Asn Val Ile Leu Lys Pro Ser Asp
 2045 2050 2055

Glu Gly Val Lys Val Thr Gln Glu Leu Gly His Glu Asp Leu Met
 2060 2065 2070

Ala Ala Tyr Val Glu Asn Thr Ser Ile Thr Ile Lys Lys Pro Asn
 2075 2080 2085

Glu Leu Ser Leu Ala Leu Gly Leu Lys Thr Ile Ala Thr His Gly
 2090 2095 2100

Ile Ala Ala Ile Asn Ser Val Pro Trp Ser Lys Ile Leu Ala Tyr
 2105 2110 2115

Val Lys Pro Phe Leu Gly Gln Ala Ala Ile Thr Thr Ser Asn Cys
 2120 2125 2130

Ala Lys Arg Leu Ala Gln Arg Val Phe Asn Asn Tyr Met Pro Tyr
 2135 2140 2145

Val Phe Thr Leu Leu Phe Gln Leu Cys Thr Phe Thr Lys Ser Thr
 2150 2155 2160

Asn Ser Arg Ile Arg Ala Ser Leu Pro Thr Thr Ile Ala Lys Asn
 2165 2170 2175

Ser Val Lys Ser Val Ala Lys Leu Cys Leu Asp Ala Gly Ile Asn
 2180 2185 2190

Tyr Val Lys Ser Pro Lys Phe Ser Lys Leu Phe Thr Ile Ala Met
 2195 2200 2205

Trp Leu Leu Leu Leu Ser Ile Cys Leu Gly Ser Leu Ile Cys Val
 2210 2215 2220

Thr Ala Ala Phe Gly Val Leu Leu Ser Asn Phe Gly Ala Pro Ser
 2225 2230 2235

Tyr Cys Asn Gly Val Arg Glu Leu Tyr Leu Asn Ser Ser Asn Val
 2240 2245 2250

Thr Thr Met Asp Phe Cys Glu Gly Ser Phe Pro Cys Ser Ile Cys
 2255 2260 2265

Leu Ser Gly Leu Asp Ser Leu Asp Ser Tyr Pro Ala Leu Glu Thr
 2270 2275 2280

Ile Gln Val Thr Ile Ser Ser Tyr Lys Leu Asp Leu Thr Ile Leu
 2285 2290 2295

S226CAS108.ST25

Gly Leu Ala Ala Glu Trp Val Leu Ala Tyr Met Leu Phe Thr Lys
 2300 2305 2310

Phe Phe Tyr Leu Leu Gly Leu Ser Ala Ile Met Gln Val Phe Phe
 2315 2320 2325

Gly Tyr Phe Ala Ser His Phe Ile Ser Asn Ser Trp Leu Met Trp
 2330 2335 2340

Phe Ile Ile Ser Ile Val Gln Met Ala Pro Val Ser Ala Met Val
 2345 2355

Arg Met Tyr Ile Phe Phe Ala Ser Phe Tyr Tyr Ile Trp Lys Ser
 2360 2365 2370

Tyr Val His Ile Met Asp Gly Cys Thr Ser Ser Thr Cys Met Met
 2375 2380 2385

Cys Tyr Lys Arg Asn Arg Ala Thr Arg Val Glu Cys Thr Thr Ile
 2390 2395 2400

Val Asn Gly Met Lys Arg Ser Phe Tyr Val Tyr Ala Asn Gly Gly
 2405 2410 2415

Arg Gly Phe Cys Lys Thr His Asn Trp Asn Cys Leu Asn Cys Asp
 2420 2425 2430

Thr Phe Cys Thr Gly Ser Thr Phe Ile Ser Asp Glu Val Ala Arg
 2435 2440 2445

Asp Leu Ser Leu Gln Phe Lys Arg Pro Ile Asn Pro Thr Asp Gln
 2450 2455 2460

Ser Ser Tyr Ile Val Asp Ser Val Ala Val Lys Asn Gly Ala Leu
 2465 2470 2475

His Leu Tyr Phe Asp Lys Ala Gly Gln Lys Thr Tyr Glu Arg His
 2480 2485 2490

Pro Leu Ser His Phe Val Asn Leu Asp Asn Leu Arg Ala Asn Asn
 2495 2500 2505

Thr Lys Gly Ser Leu Pro Ile Asn Val Ile Val Phe Asp Gly Lys
 2510 2515 2520

Ser Lys Cys Asp Glu Ser Ala Ser Lys Ser Ala Ser Val Tyr Tyr
 2525 2530 2535

Ser Gln Leu Met Cys Gln Pro Ile Leu Leu Leu Asp Gln Ala Leu
 2540 2545 2550

S226CAS108.ST25

Val Ser Asp Val Gly Asp Ser Thr Glu Val Ser Val Lys Met Phe
 2555 2560 2565
 Asp Ala Tyr Val Asp Thr Phe Ser Ala Thr Phe Ser Val Pro Met
 2570 2575 2580
 Glu Lys Leu Lys Ala Leu Val Ala Thr Ala His Ser Glu Leu Ala
 2585 2590 2595
 Lys Gly Val Ala Leu Asp Gly Val Leu Ser Thr Phe Val Ser Ala
 2600 2605 2610
 Ala Arg Gln Gly Val Val Asp Thr Asp Val Asp Thr Lys Asp Val
 2615 2620 2625
 Ile Glu Cys Leu Lys Leu Ser His His Ser Asp Leu Glu Val Thr
 2630 2635 2640
 Gly Asp Ser Cys Asn Asn Phe Met Leu Thr Tyr Asn Lys Val Glu
 2645 2650 2655
 Asn Met Thr Pro Arg Asp Leu Gly Ala Cys Ile Asp Cys Asn Ala
 2660 2665 2670
 Arg His Ile Asn Ala Gln Val Ala Lys Ser His Asn Val Ser Leu
 2675 2680 2685
 Ile Trp Asn Val Lys Asp Tyr Met Ser Leu Ser Glu Gln Leu Arg
 2690 2695 2700
 Lys Gln Ile Arg Ser Ala Ala Lys Lys Asn Asn Ile Pro Phe Arg
 2705 2710 2715
 Leu Thr Cys Ala Thr Thr Arg Gln Val Val Asn Val Ile Thr Thr
 2720 2725 2730
 Lys Ile Ser Leu Lys Gly Gly Lys Ile Val Ser Thr Cys Phe Lys
 2735 2740 2745
 Leu Met Leu Lys Ala Thr Leu Leu Cys Val Leu Ala Ala Leu Val
 2750 2755 2760
 Cys Tyr Ile Val Met Pro Val His Thr Leu Ser Ile His Asp Gly
 2765 2770 2775
 Tyr Thr Asn Glu Ile Ile Gly Tyr Lys Ala Ile Gln Asp Gly Val
 2780 2785 2790
 Thr Arg Asp Ile Ile Ser Thr Asp Asp Cys Phe Ala Asn Lys His
 2795 2800 2805

S226CAS108.ST25

Ala	Gly 2810	Phe	Asp	Ala	Trp	Phe 2815	Ser	Gln	Arg	Gly	Gly 2820	Ser	Tyr	Lys
Asn	Asp 2825	Lys	Ser	Cys	Pro	Val 2830	Val	Ala	Ala	Ile	Ile 2835	Thr	Arg	Glu
Ile	Gly 2840	Phe	Ile	Val	Pro	Gly 2845	Leu	Pro	Gly	Thr	Val 2850	Leu	Arg	Ala
Ile	Asn 2855	Gly	Asp	Phe	Leu	His 2860	Phe	Leu	Pro	Arg	Val 2865	Phe	Ser	Ala
Val	Gly 2870	Asn	Ile	Cys	Tyr	Thr 2875	Pro	Ser	Lys	Leu	Ile 2880	Glu	Tyr	Ser
Asp	Phe 2885	Ala	Thr	Ser	Ala	Cys 2890	Val	Leu	Ala	Ala	Glu 2895	Cys	Thr	Ile
Phe	Lys 2900	Asp	Ala	Met	Gly	Lys 2905	Pro	Val	Pro	Tyr	Cys 2910	Tyr	Asp	Thr
Asn	Leu 2915	Leu	Glu	Gly	Ser	Ile 2920	Ser	Tyr	Ser	Glu	Leu 2925	Arg	Pro	Asp
Thr	Arg 2930	Tyr	Val	Leu	Met	Asp 2935	Gly	Ser	Ile	Ile	Gln 2940	Phe	Pro	Asn
Thr	Tyr 2945	Leu	Glu	Gly	Ser	Val 2950	Arg	Val	Val	Thr	Thr 2955	Phe	Asp	Ala
Glu	Tyr 2960	Cys	Arg	His	Gly	Thr 2965	Cys	Glu	Arg	Ser	Glu 2970	Val	Gly	Ile
Cys	Leu 2975	Ser	Thr	Ser	Gly	Arg 2980	Trp	Val	Leu	Asn	Asn 2985	Glu	His	Tyr
Arg	Ala 2990	Leu	Ser	Gly	Val	Phe 2995	Cys	Gly	Val	Asp	Ala 3000	Met	Asn	Leu
Ile	Ala 3005	Asn	Ile	Phe	Thr	Pro 3010	Leu	Val	Gln	Pro	Val 3015	Gly	Ala	Leu
Asp	Val 3020	Ser	Ala	Ser	Val	Val 3025	Ala	Gly	Gly	Ile	Ile 3030	Ala	Ile	Leu
Val	Thr 3035	Cys	Ala	Ala	Tyr	Tyr 3040	Phe	Met	Lys	Phe	Arg 3045	Arg	Val	Phe
Gly	Glu 3050	Tyr	Asn	His	Val	Val 3055	Ala	Ala	Asn	Ala	Leu 3060	Leu	Phe	Leu

S226CAS108.ST25

Met Ser Phe Thr Ile Leu Cys Leu Val Pro Ala Tyr Ser Phe Leu
 3065 3070 3075

Pro Gly Val Tyr Ser Val Phe Tyr Leu Tyr Leu Thr Phe Tyr Phe
 3080 3085 3090

Thr Asn Asp Val Ser Phe Leu Ala His Leu Gln Trp Phe Ala Met
 3095 3100 3105

Phe Ser Pro Ile Val Pro Phe Trp Ile Thr Ala Ile Tyr Val Phe
 3110 3115 3120

Cys Ile Ser Leu Lys His Cys His Trp Phe Phe Asn Asn Tyr Leu
 3125 3130 3135

Arg Lys Arg Val Met Phe Asn Gly Val Thr Phe Ser Thr Phe Glu
 3140 3145 3150

Glu Ala Ala Leu Cys Thr Phe Leu Leu Asn Lys Glu Met Tyr Leu
 3155 3160 3165

Lys Leu Arg Ser Glu Thr Leu Leu Pro Leu Thr Gln Tyr Asn Arg
 3170 3175 3180

Tyr Leu Ala Leu Tyr Asn Lys Tyr Lys Tyr Phe Ser Gly Ala Leu
 3185 3190 3195

Asp Thr Thr Ser Tyr Arg Glu Ala Ala Cys Cys His Leu Ala Lys
 3200 3205 3210

Ala Leu Asn Asp Phe Ser Asn Ser Gly Ala Asp Val Leu Tyr Gln
 3215 3220 3225

Pro Pro Gln Thr Ser Ile Thr Ser Ala Val Leu Gln Ser Gly Phe
 3230 3235 3240

Arg Lys Met Ala Phe Pro Ser Gly Lys Val Glu Gly Cys Met Val
 3245 3250 3255

Gln Val Thr Cys Gly Thr Thr Thr Leu Asn Gly Leu Trp Leu Asp
 3260 3265 3270

Asp Thr Val Tyr Cys Pro Arg His Val Ile Cys Thr Ala Glu Asp
 3275 3280 3285

Met Leu Asn Pro Asn Tyr Glu Asp Leu Leu Ile Arg Lys Ser Asn
 3290 3295 3300

His Ser Phe Leu Val Gln Ala Gly Asn Val Gln Leu Arg Val Ile
 3305 3310 3315

S226CAS108.ST25

Gly His Ser Met Gln Asn Cys Leu Leu Arg Leu Lys Val Asp Thr
 3320 3325 3330

Ser Asn Pro Lys Thr Pro Lys Tyr Lys Phe Val Arg Ile Gln Pro
 3335 3340 3345

Gly Gln Thr Phe Ser Val Leu Ala Cys Tyr Asn Gly Ser Pro Ser
 3350 3355 3360

Gly Val Tyr Gln Cys Ala Met Arg Pro Asn His Thr Ile Lys Gly
 3365 3370 3375

Ser Phe Leu Asn Gly Ser Cys Gly Ser Val Gly Phe Asn Ile Asp
 3380 3385 3390

Tyr Asp Cys Val Ser Phe Cys Tyr Met His His Met Glu Leu Pro
 3395 3400 3405

Thr Gly Val His Ala Gly Thr Asp Leu Glu Gly Lys Phe Tyr Gly
 3410 3415 3420

Pro Phe Val Asp Arg Gln Thr Ala Gln Ala Ala Gly Thr Asp Thr
 3425 3430 3435

Thr Ile Thr Leu Asn Val Leu Ala Trp Leu Tyr Ala Ala Val Ile
 3440 3445 3450

Asn Gly Asp Arg Trp Phe Leu Asn Arg Phe Thr Thr Thr Leu Asn
 3455 3460 3465

Asp Phe Asn Leu Val Ala Met Lys Tyr Asn Tyr Glu Pro Leu Thr
 3470 3475 3480

Gln Asp His Val Asp Ile Leu Gly Pro Leu Ser Ala Gln Thr Gly
 3485 3490 3495

Ile Ala Val Leu Asp Met Cys Ala Ala Leu Lys Glu Leu Leu Gln
 3500 3505 3510

Asn Gly Met Asn Gly Arg Thr Ile Leu Gly Ser Thr Ile Leu Glu
 3515 3520 3525

Asp Glu Phe Thr Pro Phe Asp Val Val Arg Gln Cys Ser Gly Val
 3530 3535 3540

Thr Phe Gln Gly Lys Phe Lys Lys Ile Val Lys Gly Thr His His
 3545 3550 3555

Trp Met Leu Leu Thr Phe Leu Thr Ser Leu Leu Ile Leu Val Gln
 3560 3565 3570

S226CAS108.ST25

Ser	Thr	Gln	Trp	Ser	Leu	Phe	Phe	Phe	Val	Tyr	Glu	Asn	Ala	Phe
3575						3580					3585			
Leu	Pro	Phe	Thr	Leu	Gly	Ile	Met	Ala	Ile	Ala	Ala	Cys	Ala	Met
3590						3595					3600			
Leu	Leu	Val	Lys	His	Lys	His	Ala	Phe	Leu	Cys	Leu	Phe	Leu	Leu
3605						3610					3615			
Pro	Ser	Leu	Ala	Thr	Val	Ala	Tyr	Phe	Asn	Met	Val	Tyr	Met	Pro
3620						3625					3630			
Ala	Ser	Trp	Val	Met	Arg	Ile	Met	Thr	Trp	Leu	Glu	Leu	Ala	Asp
3635						3640					3645			
Thr	Ser	Leu	Ser	Gly	Tyr	Arg	Leu	Lys	Asp	Cys	Val	Met	Tyr	Ala
3650						3655					3660			
Ser	Ala	Leu	Val	Leu	Leu	Ile	Leu	Met	Thr	Ala	Arg	Thr	Val	Tyr
3665						3670					3675			
Asp	Asp	Ala	Ala	Arg	Arg	Val	Trp	Thr	Leu	Met	Asn	Val	Ile	Thr
3680						3685					3690			
Leu	Val	Tyr	Lys	Val	Tyr	Tyr	Gly	Asn	Ala	Leu	Asp	Gln	Ala	Ile
3695						3700					3705			
Ser	Met	Trp	Ala	Leu	Val	Ile	Ser	Val	Thr	Ser	Asn	Tyr	Ser	Gly
3710						3715					3720			
Val	Val	Thr	Thr	Ile	Met	Phe	Leu	Ala	Arg	Ala	Ile	Val	Phe	Val
3725						3730					3735			
Cys	Val	Glu	Tyr	Tyr	Pro	Leu	Leu	Phe	Ile	Thr	Gly	Asn	Thr	Leu
3740						3745					3750			
Gln	Cys	Ile	Met	Leu	Val	Tyr	Cys	Phe	Leu	Gly	Tyr	Cys	Cys	Cys
3755						3760					3765			
Cys	Tyr	Phe	Gly	Leu	Phe	Cys	Leu	Leu	Asn	Arg	Tyr	Phe	Arg	Leu
3770						3775					3780			
Thr	Leu	Gly	Val	Tyr	Asp	Tyr	Leu	Val	Ser	Thr	Gln	Glu	Phe	Arg
3785						3790					3795			
Tyr	Met	Asn	Ser	Gln	Gly	Leu	Leu	Pro	Pro	Lys	Ser	Ser	Ile	Asp
3800						3805					3810			
Ala	Phe	Lys	Leu	Asn	Ile	Lys	Leu	Leu	Gly	Ile	Gly	Gly	Lys	Pro
3815						3820					3825			

S226CAS108.ST25

Cys Ile Lys Val Ala Thr Val Gln Ser Lys Met Ser Asp Val Lys
 3830 3835 3840
 Cys Thr Ser Val Val Leu Leu Ser Val Leu Gln Gln Leu Arg Val
 3845 3850 3855
 Glu Ser Ser Ser Lys Leu Trp Ala Gln Cys Val Gln Leu His Asn
 3860 3865 3870
 Asp Ile Leu Leu Ala Lys Asp Thr Thr Glu Ala Phe Glu Lys Met
 3875 3880 3885
 Val Ser Leu Leu Ser Val Leu Leu Ser Met Gln Gly Ala Val Asp
 3890 3895 3900
 Ile Asn Arg Leu Cys Glu Glu Met Leu Asp Asn Arg Ala Thr Leu
 3905 3910 3915
 Gln Ala Ile Ala Ser Glu Phe Ser Ser Leu Pro Ser Tyr Ala Ala
 3920 3925 3930
 Tyr Ala Thr Ala Gln Glu Ala Tyr Glu Gln Ala Val Ala Asn Gly
 3935 3940 3945
 Asp Ser Glu Val Val Leu Lys Lys Leu Lys Lys Ser Leu Asn Val
 3950 3955 3960
 Ala Lys Ser Glu Phe Asp Arg Asp Ala Ala Met Gln Arg Lys Leu
 3965 3970 3975
 Glu Lys Met Ala Asp Gln Ala Met Thr Gln Met Tyr Lys Gln Ala
 3980 3985 3990
 Arg Ser Glu Asp Lys Arg Ala Lys Val Thr Ser Ala Met Gln Thr
 3995 4000 4005
 Met Leu Phe Thr Met Leu Arg Lys Leu Asp Asn Asp Ala Leu Asn
 4010 4015 4020
 Asn Ile Ile Asn Asn Ala Arg Asp Gly Cys Val Pro Leu Asn Ile
 4025 4030 4035
 Ile Pro Leu Thr Thr Ala Ala Lys Leu Met Val Val Val Pro Asp
 4040 4045 4050
 Tyr Gly Thr Tyr Lys Asn Thr Cys Asp Gly Asn Thr Phe Thr Tyr
 4055 4060 4065
 Ala Ser Ala Leu Trp Glu Ile Gln Gln Val Val Asp Ala Asp Ser
 4070 4075 4080



S226CAS108.ST25

Lys	Ile	Val	Gln	Leu	Ser	Glu	Ile	Asn	Met	Asp	Asn	Ser	Pro	Asn
4085						4090					4095			
Leu	Ala	Trp	Pro	Leu	Ile	Val	Thr	Ala	Leu	Arg	Ala	Asn	Ser	Ala
4100						4105					4110			
Val	Lys	Leu	Gln	Asn	Asn	Glu	Leu	Ser	Pro	Val	Ala	Leu	Arg	Gln
4115						4120					4125			
Met	Ser	Cys	Ala	Ala	Gly	Thr	Thr	Gln	Thr	Ala	Cys	Thr	Asp	Asp
4130						4135					4140			
Asn	Ala	Leu	Ala	Tyr	Tyr	Asn	Asn	Ser	Lys	Gly	Gly	Arg	Phe	Val
4145						4150					4155			
Leu	Ala	Leu	Leu	Ser	Asp	His	Gln	Asp	Leu	Lys	Trp	Ala	Arg	Phe
4160						4165					4170			
Pro	Lys	Ser	Asp	Gly	Thr	Gly	Thr	Ile	Tyr	Thr	Glu	Leu	Glu	Pro
4175						4180					4185			
Pro	Cys	Arg	Phe	Val	Thr	Asp	Thr	Pro	Lys	Gly	Pro	Lys	Val	Lys
4190						4195					4200			
Tyr	Leu	Tyr	Phe	Ile	Lys	Gly	Leu	Asn	Asn	Leu	Asn	Arg	Gly	Met
4205						4210					4215			
Val	Leu	Gly	Ser	Leu	Ala	Ala	Thr	Val	Arg	Leu	Gln	Ala	Gly	Asn
4220						4225					4230			
Ala	Thr	Glu	Val	Pro	Ala	Asn	Ser	Thr	Val	Leu	Ser	Phe	Cys	Ala
4235						4240					4245			
Phe	Ala	Val	Asp	Pro	Ala	Lys	Ala	Tyr	Lys	Asp	Tyr	Leu	Ala	Ser
4250						4255					4260			
Gly	Gly	Gln	Pro	Ile	Thr	Asn	Cys	Val	Lys	Met	Leu	Cys	Thr	His
4265						4270					4275			
Thr	Gly	Thr	Gly	Gln	Ala	Ile	Thr	Val	Thr	Pro	Glu	Ala	Asn	Met
4280						4285					4290			
Asp	Gln	Glu	Ser	Phe	Gly	Gly	Ala	Ser	Cys	Cys	Leu	Tyr	Cys	Arg
4295						4300					4305			
Cys	His	Ile	Asp	His	Pro	Asn	Pro	Lys	Gly	Phe	Cys	Asp	Leu	Lys
4310						4315					4320			
Gly	Lys	Tyr	Val	Gln	Ile	Pro	Thr	Thr	Cys	Ala	Asn	Asp	Pro	Val
4325						4330					4335			

S226CAS108.ST25

Gly Phe Thr Leu Arg Asn Thr Val Cys Thr Val Cys Gly Met Trp
 4340 4345 4350

Lys Gly Tyr Gly Cys Ser Cys Asp Gln Leu Arg Glu Pro Leu Met
 4355 4360 4365

Gln Ser Ala Asp Ala Ser Thr Phe Leu Asn Gly Phe Ala Val
 4370 4375 4380

<210> 75

<211> 2695

<212> PRT

<213> CORONAVIRUS

<400> 75

Arg Val Cys Gly Val Ser Ala Ala Arg Leu Thr Pro Cys Gly Thr Gly
 1 5 10 15

Thr Ser Thr Asp Val Val Tyr Arg Ala Phe Asp Ile Tyr Asn Glu Lys
 20 25 30

Val Ala Gly Phe Ala Lys Phe Leu Lys Thr Asn Cys Cys Arg Phe Gln
 35 40 45

Glu Lys Asp Glu Glu Gly Asn Leu Leu Asp Ser Tyr Phe Val Val Lys
 50 55 60

Arg His Thr Met Ser Asn Tyr Gln His Glu Glu Thr Ile Tyr Asn Leu
 65 70 75 80

Val Lys Asp Cys Pro Ala Val Ala Val His Asp Phe Phe Lys Phe Arg
 85 90 95

Val Asp Gly Asp Met Val Pro His Ile Ser Arg Gln Arg Leu Thr Lys
 100 105 110

Tyr Thr Met Ala Asp Leu Val Tyr Ala Leu Arg His Phe Asp Glu Gly
 115 120 125

Asn Cys Asp Thr Leu Lys Glu Ile Leu Val Thr Tyr Asn Cys Cys Asp
 130 135 140

Asp Asp Tyr Phe Asn Lys Lys Asp Trp Tyr Asp Phe Val Glu Asn Pro
 145 150 155 160

Asp Ile Leu Arg Val Tyr Ala Asn Leu Gly Glu Arg Val Arg Gln Ser
 165 170 175

S226CAS108.ST25

Leu Leu Lys Thr Val Gln Phe Cys Asp Ala Met Arg Asp Ala Gly Ile
180 185 190

Val Gly Val Leu Thr Leu Asp Asn Gln Asp Leu Asn Gly Asn Trp Tyr
195 200 205

Asp Phe Gly Asp Phe Val Gln Val Ala Pro Gly Cys Gly Val Pro Ile
210 215 220

Val Asp Ser Tyr Tyr Ser Leu Leu Met Pro Ile Leu Thr Leu Thr Arg
225 230 235 240

Ala Leu Ala Ala Glu Ser His Met Asp Ala Asp Leu Ala Lys Pro Leu
245 250 255

Ile Lys Trp Asp Leu Leu Lys Tyr Asp Phe Thr Glu Glu Arg Leu Cys
260 265 270

Leu Phe Asp Arg Tyr Phe Lys Tyr Trp Asp Gln Thr Tyr His Pro Asn
275 280 285

Cys Ile Asn Cys Leu Asp Asp Arg Cys Ile Leu His Cys Ala Asn Phe
290 295 300

Asn Val Leu Phe Ser Thr Val Phe Pro Pro Thr Ser Phe Gly Pro Leu
305 310 315 320

Val Arg Lys Ile Phe Val Asp Gly Val Pro Phe Val Val Ser Thr Gly
325 330 335

Tyr His Phe Arg Glu Leu Gly Val Val His Asn Gln Asp Val Asn Leu
340 345 350

His Ser Ser Arg Leu Ser Phe Lys Glu Leu Leu Val Tyr Ala Ala Asp
355 360 365

Pro Ala Met His Ala Ala Ser Gly Asn Leu Leu Leu Asp Lys Arg Thr
370 375 380

Thr Cys Phe Ser Val Ala Ala Leu Thr Asn Asn Val Ala Phe Gln Thr
385 390 395 400

Val Lys Pro Gly Asn Phe Asn Lys Asp Phe Tyr Asp Phe Ala Val Ser
405 410 415

Lys Gly Phe Phe Lys Glu Gly Ser Ser Val Glu Leu Lys His Phe Phe
420 425 430

Phe Ala Gln Asp Gly Asn Ala Ala Ile Ser Asp Tyr Asp Tyr Tyr Arg
435 440 445

S226CAS108.ST25

Tyr Asn Leu Pro Thr Met Cys Asp Ile Arg Gln Leu Phe Val Val
450 455 460

Glu Val Val Asp Lys Tyr Phe Asp Cys Tyr Asp Gly Gly Cys Ile Asn
465 470 475 480

Ala Asn Gln Val Ile Val Asn Asn Leu Asp Lys Ser Ala Gly Phe Pro
485 490 495

Phe Asn Lys Trp Gly Lys Ala Arg Leu Tyr Tyr Asp Ser Met Ser Tyr
500 505 510

Glu Asp Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Thr Lys Arg Asn Val Ile Pro
515 520 525

Thr Ile Thr Gln Met Asn Leu Lys Tyr Ala Ile Ser Ala Lys Asn Arg
530 535 540

Ala Arg Thr Val Ala Gly Val Ser Ile Cys Ser Thr Met Thr Asn Arg
545 550 555 560

Gln Phe His Gln Lys Leu Leu Lys Ser Ile Ala Ala Thr Arg Gly Ala
565 570 575

Thr Val Val Ile Gly Thr Ser Lys Phe Tyr Gly Gly Trp His Asn Met
580 585 590

Leu Lys Thr Val Tyr Ser Asp Val Glu Thr Pro His Leu Met Gly Trp
595 600 605

Asp Tyr Pro Lys Cys Asp Arg Ala Met Pro Asn Met Leu Arg Ile Met
610 615 620

Ala Ser Leu Val Leu Ala Arg Lys His Asn Thr Cys Cys Asn Leu Ser
625 630 635 640

His Arg Phe Tyr Arg Leu Ala Asn Glu Cys Ala Gln Val Leu Ser Glu
645 650 655

Met Val Met Cys Gly Gly Ser Leu Tyr Val Lys Pro Gly Gly Thr Ser
660 665 670

Ser Gly Asp Ala Thr Thr Ala Tyr Ala Asn Ser Val Phe Asn Ile Cys
675 680 685

Gln Ala Val Thr Ala Asn Val Asn Ala Leu Leu Ser Thr Asp Gly Asn
690 695 700

Lys Ile Ala Asp Lys Tyr Val Arg Asn Leu Gln His Arg Leu Tyr Glu
705 710 715 720

S226CAS108.ST25

Cys Leu Tyr Arg Asn Arg Asp Val Asp His Glu Phe Val Asp Glu Phe
 725 730 735
 Tyr Ala Tyr Leu Arg Lys His Phe Ser Met Met Ile Leu Ser Asp Asp
 740 745 750
 Ala Val Val Cys Tyr Asn Ser Asn Tyr Ala Ala Gln Gly Leu Val Ala
 755 760 765
 Ser Ile Lys Asn Phe Lys Ala Val Leu Tyr Tyr Gln Asn Asn Val Phe
 770 775 780
 Met Ser Glu Ala Lys Cys Trp Thr Glu Thr Asp Leu Thr Lys Gly Pro
 785 790 795 800
 His Glu Phe Cys Ser Gln His Thr Met Leu Val Lys Gln Gly Asp Asp
 805 810 815
 Tyr Val Tyr Leu Pro Tyr Pro Asp Pro Ser Arg Ile Leu Gly Ala Gly
 820 825 830
 Cys Phe Val Asp Asp Ile Val Lys Thr Asp Gly Thr Leu Met Ile Glu
 835 840 845
 Arg Phe Val Ser Leu Ala Ile Asp Ala Tyr Pro Leu Thr Lys His Pro
 850 855 860
 Asn Gln Glu Tyr Ala Asp Val Phe His Leu Tyr Leu Gln Tyr Ile Arg
 865 870 875 880
 Lys Leu His Asp Glu Leu Thr Gly His Met Leu Asp Met Tyr Ser Val
 885 890 895
 Met Leu Thr Asn Asp Asn Thr Ser Arg Tyr Trp Glu Pro Glu Phe Tyr
 900 905 910
 Glu Ala Met Tyr Thr Pro His Thr Val Leu Gln Ala Val Gly Ala Cys
 915 920 925
 Val Leu Cys Asn Ser Gln Thr Ser Leu Arg Cys Gly Ala Cys Ile Arg
 930 935 940
 Arg Pro Phe Leu Cys Cys Lys Cys Cys Tyr Asp His Val Ile Ser Thr
 945 950 955 960
 Ser His Lys Leu Val Leu Ser Val Asn Pro Tyr Val Cys Asn Ala Pro
 965 970 975
 Gly Cys Asp Val Thr Asp Val Thr Gln Leu Tyr Leu Gly Gly Met Ser
 980 985 990

S226CAS108.ST25

Tyr Tyr Cys Lys Ser His Lys Pro Ile Ser Phe Pro Leu Cys Ala
 995 1000 1005

Asn Gly Gln Val Phe Gly Leu Tyr Lys Asn Thr Cys Val Gly Ser
 1010 1015 1020

Asp Asn Val Thr Asp Phe Asn Ala Ile Ala Thr Cys Asp Trp Thr
 1025 1030 1035

Asn Ala Gly Asp Tyr Ile Leu Ala Asn Thr Cys Thr Glu Arg Leu
 1040 1045 1050

Lys Leu Phe Ala Ala Glu Thr Leu Lys Ala Thr Glu Glu Thr Phe
 1055 1060 1065

Lys Leu Ser Tyr Gly Ile Ala Thr Val Arg Glu Val Leu Ser Asp
 1070 1075 1080

Arg Glu Leu His Leu Ser Trp Glu Val Gly Lys Pro Arg Pro Pro
 1085 1090 1095

Leu Asn Arg Asn Tyr Val Phe Thr Gly Tyr Arg Val Thr Lys Asn
 1100 1105 1110

Ser Lys Val Gln Ile Gly Glu Tyr Thr Phe Glu Lys Gly Asp Tyr
 1115 1120 1125

Gly Asp Ala Val Val Tyr Arg Gly Thr Thr Thr Tyr Lys Leu Asn
 1130 1135 1140

Val Gly Asp Tyr Phe Val Leu Thr Ser His Thr Val Met Pro Leu
 1145 1150 1155

Ser Ala Pro Thr Leu Val Pro Gln Glu His Tyr Val Arg Ile Thr
 1160 1165 1170

Gly Leu Tyr Pro Thr Leu Asn Ile Ser Asp Glu Phe Ser Ser Asn
 1175 1180 1185

Val Ala Asn Tyr Gln Lys Val Gly Met Gln Lys Tyr Ser Thr Leu
 1190 1195 1200

Gln Gly Pro Pro Gly Thr Gly Lys Ser His Phe Ala Ile Gly Leu
 1205 1210 1215

Ala Leu Tyr Tyr Pro Ser Ala Arg Ile Val Tyr Thr Ala Cys Ser
 1220 1225 1230

His Ala Ala Val Asp Ala Leu Cys Glu Lys Ala Leu Lys Tyr Leu
 1235 1240 1245

S226CAS108.ST25

Pro Ile Asp Lys Cys Ser Arg Ile Ile Pro Ala Arg Ala Arg Val
 1250 1255 1260

Glu Cys Phe Asp Lys Phe Lys Val Asn Ser Thr Leu Glu Gln Tyr
 1265 1270 1275

Val Phe Cys Thr Val Asn Ala Leu Pro Glu Thr Thr Ala Asp Ile
 1280 1285 1290

Val Val Phe Asp Glu Ile Ser Met Ala Thr Asn Tyr Asp Leu Ser
 1295 1300 1305

Val Val Asn Ala Arg Leu Arg Ala Lys His Tyr Val Tyr Ile Gly
 1310 1315 1320

Asp Pro Ala Gln Leu Pro Ala Pro Arg Thr Leu Leu Thr Lys Gly
 1325 1330 1335

Thr Leu Glu Pro Glu Tyr Phe Asn Ser Val Cys Arg Leu Met Lys
 1340 1345 1350

Thr Ile Gly Pro Asp Met Phe Leu Gly Thr Cys Arg Arg Cys Pro
 1355 1360 1365

Ala Glu Ile Val Asp Thr Val Ser Ala Leu Val Tyr Asp Asn Lys
 1370 1375 1380

Leu Lys Ala His Lys Asp Lys Ser Ala Gln Cys Phe Lys Met Phe
 1385 1390 1395

Tyr Lys Gly Val Ile Thr His Asp Val Ser Ser Ala Ile Asn Arg
 1400 1405 1410

Pro Gln Ile Gly Val Val Arg Glu Phe Leu Thr Arg Asn Pro Ala
 1415 1420 1425

Trp Arg Lys Ala Val Phe Ile Ser Pro Tyr Asn Ser Gln Asn Ala
 1430 1435 1440

Val Ala Ser Lys Ile Leu Gly Leu Pro Thr Gln Thr Val Asp Ser
 1445 1450 1455

Ser Gln Gly Ser Glu Tyr Asp Tyr Val Ile Phe Thr Gln Thr Thr
 1460 1465 1470

Glu Thr Ala His Ser Cys Asn Val Asn Arg Phe Asn Val Ala Ile
 1475 1480 1485

Thr Arg Ala Lys Ile Gly Ile Leu Cys Ile Met Ser Asp Arg Asp
 1490 1495 1500

S226CAS108.ST25

Leu	Tyr	Asp	Lys	Leu	Gln	Phe	Thr	Ser	Leu	Glu	Ile	Pro	Arg	Arg
1505						1510					1515			
Asn	Val	Ala	Thr	Leu	Gln	Ala	Glu	Asn	Val	Thr	Gly	Leu	Phe	Lys
1520						1525					1530			
Asp	Cys	Ser	Lys	Ile	Ile	Thr	Gly	Leu	His	Pro	Thr	Gln	Ala	Pro
1535						1540					1545			
Thr	His	Leu	Ser	Val	Asp	Ile	Lys	Phe	Lys	Thr	Glu	Gly	Leu	Cys
1550						1555					1560			
Val	Asp	Ile	Pro	Gly	Ile	Pro	Lys	Asp	Met	Thr	Tyr	Arg	Arg	Leu
1565						1570					1575			
Ile	Ser	Met	Met	Gly	Phe	Lys	Met	Asn	Tyr	Gln	Val	Asn	Gly	Tyr
1580						1585					1590			
Pro	Asn	Met	Phe	Ile	Thr	Arg	Glu	Glu	Ala	Ile	Arg	His	Val	Arg
1595						1600					1605			
Ala	Trp	Ile	Gly	Phe	Asp	Val	Glu	Gly	Cys	His	Ala	Thr	Arg	Asp
1610						1615					1620			
Ala	Val	Gly	Thr	Asn	Leu	Pro	Leu	Gln	Leu	Gly	Phe	Ser	Thr	Gly
1625						1630					1635			
Val	Asn	Leu	Val	Ala	Val	Pro	Thr	Gly	Tyr	Val	Asp	Thr	Glu	Asn
1640						1645					1650			
Asn	Thr	Glu	Phe	Thr	Arg	Val	Asn	Ala	Lys	Pro	Pro	Pro	Gly	Asp
1655						1660					1665			
Gln	Phe	Lys	His	Leu	Ile	Pro	Leu	Met	Tyr	Lys	Gly	Leu	Pro	Trp
1670						1675					1680			
Asn	Val	Val	Arg	Ile	Lys	Ile	Val	Gln	Met	Leu	Ser	Asp	Thr	Leu
1685						1690					1695			
Lys	Gly	Leu	Ser	Asp	Arg	Val	Val	Phe	Val	Leu	Trp	Ala	His	Gly
1700						1705					1710			
Phe	Glu	Leu	Thr	Ser	Met	Lys	Tyr	Phe	Val	Lys	Ile	Gly	Pro	Glu
1715						1720					1725			
Arg	Thr	Cys	Cys	Leu	Cys	Asp	Lys	Arg	Ala	Thr	Cys	Phe	Ser	Thr
1730						1735					1740			
Ser	Ser	Asp	Thr	Tyr	Ala	Cys	Trp	Asn	His	Ser	Val	Gly	Phe	Asp
1745						1750					1755			

S226CAS108.ST25

Tyr Val Tyr Asn Pro Phe Met Ile Asp Val Gln Gln Trp Gly Phe
 1760 1765 1770

Thr Gly Asn Leu Gln Ser Asn His Asp Gln His Cys Gln Val His
 1775 1780 1785

Gly Asn Ala His Val Ala Ser Cys Asp Ala Ile Met Thr Arg Cys
 1790 1795 1800

Leu Ala Val His Glu Cys Phe Val Lys Arg Val Asp Trp Ser Val
 1805 1810 1815

Glu Tyr Pro Ile Ile Gly Asp Glu Leu Arg Val Asn Ser Ala Cys
 1820 1825 1830

Arg Lys Val Gln His Met Val Val Lys Ser Ala Leu Leu Ala Asp
 1835 1840 1845

Lys Phe Pro Val Leu His Asp Ile Gly Asn Pro Lys Ala Ile Lys
 1850 1855 1860

Cys Val Pro Gln Ala Glu Val Glu Trp Lys Phe Tyr Asp Ala Gln
 1865 1870 1875

Pro Cys Ser Asp Lys Ala Tyr Lys Ile Glu Glu Leu Phe Tyr Ser
 1880 1885 1890

Tyr Ala Thr His His Asp Lys Phe Thr Asp Gly Val Cys Leu Phe
 1895 1900 1905

Trp Asn Cys Asn Val Asp Arg Tyr Pro Ala Asn Ala Ile Val Cys
 1910 1915 1920

Arg Phe Asp Thr Arg Val Leu Ser Asn Leu Asn Leu Pro Gly Cys
 1925 1930 1935

Asp Gly Gly Ser Leu Tyr Val Asn Lys His Ala Phe His Thr Pro
 1940 1945 1950

Ala Phe Asp Lys Ser Ala Phe Thr Asn Leu Lys Gln Leu Pro Phe
 1955 1960 1965

Phe Tyr Tyr Ser Asp Ser Pro Cys Glu Ser His Gly Lys Gln Val
 1970 1975 1980

Val Ser Asp Ile Asp Tyr Val Pro Leu Lys Ser Ala Thr Cys Ile
 1985 1990 1995

Thr Arg Cys Asn Leu Gly Gly Ala Val Cys Arg His His Ala Asn
 2000 2005 2010

S226CAS108.ST25

Glu Tyr Arg Gln Tyr Leu Asp Ala Tyr Asn Met Met Ile Ser Ala
 2015 2020 2025
 Gly Phe Ser Leu Trp Ile Tyr Lys Gln Phe Asp Thr Tyr Asn Leu
 2030 2035 2040
 Trp Asn Thr Phe Thr Arg Leu Gln Ser Leu Glu Asn Val Ala Tyr
 2045 2050 2055
 Asn Val Val Asn Lys Gly His Phe Asp Gly His Ala Gly Glu Ala
 2060 2065 2070
 Pro Val Ser Ile Ile Asn Asn Ala Val Tyr Thr Lys Val Asp Gly
 2075 2080 2085
 Ile Asp Val Glu Ile Phe Glu Asn Lys Thr Thr Leu Pro Val Asn
 2090 2095 2100
 Val Ala Phe Glu Leu Trp Ala Lys Arg Asn Ile Lys Pro Val Pro
 2105 2110 2115
 Glu Ile Lys Ile Leu Asn Asn Leu Gly Val Asp Ile Ala Ala Asn
 2120 2125 2130
 Thr Val Ile Trp Asp Tyr Lys Arg Glu Ala Pro Ala His Val Ser
 2135 2140 2145
 Thr Ile Gly Val Cys Thr Met Thr Asp Ile Ala Lys Lys Pro Thr
 2150 2155 2160
 Glu Ser Ala Cys Ser Ser Leu Thr Val Leu Phe Asp Gly Arg Val
 2165 2170 2175
 Glu Gly Gln Val Asp Leu Phe Arg Asn Ala Arg Asn Gly Val Leu
 2180 2185 2190
 Ile Thr Glu Gly Ser Val Lys Gly Leu Thr Pro Ser Lys Gly Pro
 2195 2200 2205
 Ala Gln Ala Ser Val Asn Gly Val Thr Leu Ile Gly Glu Ser Val
 2210 2215 2220
 Lys Thr Gln Phe Asn Tyr Phe Lys Lys Val Asp Gly Ile Ile Gln
 2225 2230 2235
 Gln Leu Pro Glu Thr Tyr Phe Thr Gln Ser Arg Asp Leu Glu Asp
 2240 2245 2250
 Phe Lys Pro Arg Ser Gln Met Glu Thr Asp Phe Leu Glu Leu Ala
 2255 2260 2265



S226CAS108.ST25

Met Asp Glu Phe Ile Gln Arg Tyr Lys Leu Glu Gly Tyr Ala Phe
 2270 2275 2280
 Glu His Ile Val Tyr Gly Asp Phe Ser His Gly Gln Leu Gly Gly
 2285 2290 2295
 Leu His Leu Met Ile Gly Leu Ala Lys Arg Ser Gln Asp Ser Pro
 2300 2305 2310
 Leu Lys Leu Glu Asp Phe Ile Pro Met Asp Ser Thr Val Lys Asn
 2315 2320 2325
 Tyr Phe Ile Thr Asp Ala Gln Thr Gly Ser Ser Lys Cys Val Cys
 2330 2335 2340
 Ser Val Ile Asp Leu Leu Leu Asp Asp Phe Val Glu Ile Ile Lys
 2345 2350 2355
 Ser Gln Asp Leu Ser Val Ile Ser Lys Val Val Lys Val Thr Ile
 2360 2365 2370
 Asp Tyr Ala Glu Ile Ser Phe Met Leu Trp Cys Lys Asp Gly His
 2375 2380 2385
 Val Glu Thr Phe Tyr Pro Lys Leu Gln Ala Ser Gln Ala Trp Gln
 2390 2395 2400
 Pro Gly Val Ala Met Pro Asn Leu Tyr Lys Met Gln Arg Met Leu
 2405 2410 2415
 Leu Glu Lys Cys Asp Leu Gln Asn Tyr Gly Glu Asn Ala Val Ile
 2420 2425 2430
 Pro Lys Gly Ile Met Met Asn Val Ala Lys Tyr Thr Gln Leu Cys
 2435 2440 2445
 Gln Tyr Leu Asn Thr Leu Thr Leu Ala Val Pro Tyr Asn Met Arg
 2450 2455 2460
 Val Ile His Phe Gly Ala Gly Ser Asp Lys Gly Val Ala Pro Gly
 2465 2470 2475
 Thr Ala Val Leu Arg Gln Trp Leu Pro Thr Gly Thr Leu Leu Val
 2480 2485 2490
 Asp Ser Asp Leu Asn Asp Phe Val Ser Asp Ala Asp Ser Thr Leu
 2495 2500 2505
 Ile Gly Asp Cys Ala Thr Val His Thr Ala Asn Lys Trp Asp Leu
 2510 2515 2520

S226CAS108.ST25

Ile Ile Ser Asp Met Tyr Asp Pro Arg Thr Lys His Val Thr Lys
 2525 2530 2535

Glu Asn Asp Ser Lys Glu Gly Phe Phe Thr Tyr Leu Cys Gly Phe
 2540 2545 2550

Ile Lys Gln Lys Leu Ala Leu Gly Gly Ser Ile Ala Val Lys Ile
 2555 2560 2565

Thr Glu His Ser Trp Asn Ala Asp Leu Tyr Lys Leu Met Gly His
 2570 2575 2580

Phe Ser Trp Trp Thr Ala Phe Val Thr Asn Val Asn Ala Ser Ser
 2585 2590 2595

Ser Glu Ala Phe Leu Ile Gly Ala Asn Tyr Leu Gly Lys Pro Lys
 2600 2605 2610

Glu Gln Ile Asp Gly Tyr Thr Met His Ala Asn Tyr Ile Phe Trp
 2615 2620 2625

Arg Asn Thr Asn Pro Ile Gln Leu Ser Ser Tyr Ser Leu Phe Asp
 2630 2635 2640

Met Ser Lys Phe Pro Leu Lys Leu Arg Gly Thr Ala Val Met Ser
 2645 2650 2655

Leu Lys Glu Asn Gln Ile Asn Asp Met Ile Tyr Ser Leu Leu Glu
 2660 2665 2670

Lys Gly Arg Leu Ile Ile Arg Glu Asn Asn Arg Val Val Val Ser
 2675 2680 2685

Ser Asp Ile Leu Val Asn Asn
 2690 2695

FCT/FR2004/03106



**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☒ **BLACK BORDERS**
- ☒ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☒ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☒ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☒ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☒ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.